

Figure 1

1/74

	1	50
HCV-1	1a ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAAAAAACAAACGTAACACCAACCG	
HCV-J	1b -----A-----G-----C-----	
HCG9	1c -----G-----C-----	
BNL1	1d -----G-----C-----	
BNL2	1d -----G-----C-----	
CAM1078	1e -----G-----C-----A-A-----	
FR2	1f -----G-----C-----C-----	
HC-J6	2a -----A-----G-----C-----A-A-----	
HC-J8	2b -----A-----G-----C-----A-A-----A-----	
S83	2c -----A-----G-----C-----A-A-----T-----	
NE92	2d -----A-----G-----C-----A-A-----T-----	
FR4	2f -----A-----G-----CT-----A-A-----T-----	
BNL4	2e -----A-----G-----C-----A-A-----T-----	
BNL5	2h -----A-----G-----C-----A-A-----T-----	
NZL1	3a -----ACT-----G-----C-----A-A-----T-----	
HCV-TR	3b -----ACT-----G-C-----C-----A-A-----ACT-----	
NE48	3c -----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----	
NE274	3d -----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----	
NE145	3e -----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----GT-----	
NE125	3f -----ATT-----G-C-----CC-----A-A-----ACC-----	
Z4	4a -----G-----C-----	
Z1	4b -----A-----G-----C-----	
GB358	4c -----G-----C-----	
DK13	4d -----G-----C-----	
GB809	4e -----T-----G-----C-----	
BNL7	4k -----G-----C-----	
BE95	5a -----G-----C-----A-A-----	
HK2	6a -----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----	
FR1	7a -----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----T-----	
VN4	8a -----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----	
VN13	8b -----ACT-----G-----C-----A-----	
VN12	9a -----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----A-----	
NE98	10a -----ACT-----A-----G-----C-----A-A-----N-----	

Figure 1 -continued

2/74

	51	100
HCV-1	1a TCGCCCACAGGACGTCAAGTTCCCGGGTGGCGGT	CAGATCGTTGGTGGAG
HCV-J	1b C-----T-----C-----T-----	
HC-G9	1c C-----T-----C-----C-----C-----	
BNL1	1d C-----T--K-GS--NNNNNNN-----	
BNL2	1d C-----N-----T-----	
CAM1078	1e C-----C-----T-----C-----C-----	
FR2	1f C-----T-----A-----G-----G-----G-----	
HC-J6	2a -----A-----T-----T-----C-----C-----C-----	
HC-J8	2b C-----T-----C-----	
S83	2c C-----C-----T-----C-----C-----	
NE92	2d C-----C-----T-----C-----C-----	
FR4	2f -----T-----C-----C-----C-----C-----	
BNL3	2e C-----C-----C-----C-----C-----	
BNL5	2h C-----T-----C-----T-----C-----C-----	
NZL1	3a -----A-----	
HCV-TR	3b -----A-----T-----C-----A-----	
NE48	3c -----C-----	
NE274	3d -----T-----C-----C-----	
NE145	3e -----G-----A-----T-----C-----C-----	
NE125	3f C-----C-----T-----G-----	
Z4	4a C-----CAT-----A-----T-----C-----C-----	
Z1	4b -----CAT-----T-----G-----A-----C-----C-----C-----	
GB358	4c C-----CAT-----T-----C-----T-----C-----C-----	
DK13	4d C-----AT-----T-----C-----C-----C-----C-----	
GB809	4e C-----CAT-----T-----T-----C-----C-----C-----	
BNL7	4k C-----CAT-----T-----T-----C-----C-----C-----	
BE95	5a -----C-----T-----C-----	
HK2	6a -----AC-----C-----	
FR1	7a -----TAT-----C-----C-----	
VN4	8a C-----C-----	
VN13	8b -----C-----	
VN12	9a -----AT-----T-----C-----	
NE98	10a C-----G-----T-----A-----C-----	

Figure 1 - continued

3/74

	101	150
HCV-1	1a TTTACTTGTGCCGCGCAGGGGCCCTAGATTGGGTGTGCGCGCGACGAGA	
HCV-J	1b -----C-----C-G-----T-G	
HC-G9	1c -----C-----C-G-----G	
BNL1	1d -----C-----C-GNN-----T-G	
BNL2	1d -----C-----C-G-----C-G	
CAM1078	1e -C---G--C-A-----AG-C-G	
FR2	1f -----C-----G-----G	
HC-J6	2a -A-----C-G-----A-G	
HC-J8	2b -----C-----C-G-----A-G	
S83	2c -A-----C-----G-----G	
NE92	2d -A-----CC-G-----G	
FR4	2f -----C-G-----C-A-G	
BNL3	2e -----C-----	
BNL5	2h -A-----CC-G-----G	
NZL1	3a -A---G-----AC-----C-T	
HCV-TR	3b -A---TG-C-----T-----AC-----AGTAC-T	
NE48	3c -A---G-----CT-----T-AC-T	
NE274	3d -C-----AC-----A-----AGTTC-T	
NE145	3e -A-----AC-----A-TC-T	
NE125	3f -A---G-A-----AC-----AGT-C-T	
Z4	4a -----C-G-----TC--	
Z1	4b -----C-----CC-G-----AG-TC-G	
GB358	4c -----C-G-----T-G	
DK13	4d -----T-G-----T-G	
GB809	4e -----G-----TC-G	
BNL7	4k -----C-G-----TC-G	
BE95	5a -----GA-----TC-G	
HK2	6a -----CC-G-----	
FR1	7a -----C-T-----	
VN4	8a -C-----C-----GC-C-----	
VN13	8b -----C-T-----G	
VN12	9a -C-----A-----AC-T-----G	
NE98	10a -----G-C-A-A-----CCAG-----T--AGT-C-C	

4/74

Figure 1 - continued

	151	200
HCV-1	1a AAGACTTCCGAGCGGTGCAACCTCGAGGTAGACGTCAGCCTATCCCCAA	
HCV-J	1b -----T-A-G-A-A-----	
HC-G9	1c -----C-G-G-----T-----	
BNL1	1d -----A-----T-C-G-A-----	
BNL2	1d -----G-----T-AC-G-A-----T-T-----	
CAM1078	1e -----G-----T-G-G-C-A-----T-----	
FR2	1f -----C-A-G-A-----	
HC-J6	2a -----G-----C-G-A-T-A-G-C-----C-----T-----	
HC-J8	2b -----T-----A-C-G-G-T-AC-----C-----C-----G-----	
S83	2c -----A-----A-----C-G-A-T-G-G-C-----C-----T-----	
NE92	2d -----A-----C-G-A-T-G-G-C-----C-----C-----	
FR4	2f -----T-----A-----C-G-A-T-A-G-C-----C-----A-----	
BNL3	2e -----T-----A-----C-G-A-T-A-G-C-----C-----T-----	
BNL5	2h -----A-----A-----C-G-A-T-G-G-C-----C-----T-----	
NZL1	3a --A-----T-----A-----G-----C-AC-----A-----	
HCV-TR	3b -----G-----CAAACAG-----C-T-----	
NE48	3c -----A-----G-----C-CGC-G-----G-----	
NE274	3d -----A-----AG-----C-----CAACC-G-----G-----	
NE145	3e -----A-----A-----C-C-AC-G-A-----T-----	
NE125	3f --AT-----C-----AC-G-----G-----	
Z4	4a -----G-----T-C-G-----A-----	
Z1	4b -----G-----A-----T-C-G-----	
GB358	4c -----G-----T-G-----	
DK13	4d -----G-----T-G-G-C-----	
GB809	4e -----G-----T-G-G-C-A-----	
BNL7	4k -----G-----T-G-C-A-----	
BE95	5a -----G-----A-----C-T-AC-G-----T-----	
HK2	6a -----A-----C-G-CA-----C-G-C-A-----A-A-----A-----	
FR1	7a -----C-----A-----C-G-A-----C-G-C-----C-A-A-----	
VN4	8a -----T-----A-----C-G-CA-----G-C-A-A-A-----	
VN13	8b -----A-----T-----A-----C-G-CA-G-----C-A-A-----A-G-----	
VN12	9a -----G-----A-----C-GG-CA-----G-C-A-A-A-----	
NE98	10a -----CA-----G-C-A-C-----G-----	

Figure 1 - continued

5 / 74

	201	250
HCV-1	1a GGCTCGTCGGCCCGAGGGCAGGACCTGGGCTCAGCCC GGTAACCCTTGGC	
HCV-J	1b -----C-----T-----	
HC-G9	1c ---C--C--A-----A-----T-----G-----	
BNL1	1d -----Y-----Y-----T-----	T-----
BNL2	1d -----C-A-T-----T-----NN-----A-----C-T-C-----	
CAM1078	1e --AG--C--A-----T-----	
FR2	1f -----C--A-----T-----T-----A-----	
HC-J6	2a --A---G---CT---ACT---AAT-----GAA-A-A-A-C-----	
HC-J8	2b A-A---G---CT---ACC---A-T-----GAA-----A-A-T-----	
S83	2c A-A---G---CA---ACT---A-T-----GAAG-----A-A-----	
NE92	2d A-A---G---C---ACT---A-T-----GAA-A-A-A-----	
FR4	2f A-A---G---CG---ACT---A-T-----GA-GT-----A-A-----	
BNL3	2e A-A---GN-NG---ACT-----T-----GA-GT-----A-A-T-C-----	
BNL5	2h A-A---G---CT---ACT---AAT-----GA-GT-----A-A-----	
NZL1	3a ---G-----AG-----A-----C-----T-----	
HCV-TR	3b -----CTC-G-----C-----T-----	
NE48	3c ---G-----TGG-----AC-----T-----G-----	
NE274	3d ---A-----AG-----C-----T-----T-----	
NE145	3e ---A-C-C-AG---GA---AC-----T-----G-----T-----C-----	
NE125	3f ---A-C---AAG-----C-----T-----C-----T-----	
Z4	4a ---G-C-A---A-----AT-----G-----	
Z1	4b ---G-C---T-----T-----	
GB358	4c ---A-----AT-T-----A-----T-----A-----	
DK13	4d ---G-C-AA-T-----T-----T-----T-----T-----	
GB809	4e ---G-C---AT-----AT-----G-----T-----	
BNL7	4k ---G-----AT-----A-----T-----A-----A-A-T-A-----	
BE95	5a ---G-C-A---AC-----C-----T-----G-----A-----	
HK2	6a ---G-C-A---C-----CA-----A-----	
FR1	7a --TA--C-A---GACA---C-T-G-----G-----A-----C-----	
VN4	8a A-TG---C-AC-AAAC---C-T-----C-----C-----	
VN13	8b --TG---AC-AAAC---C-T-----A-----C-----	
VN12	9a --TG---C-A-AA-C-A---C-A-----T-----C-----	
NE98	10a ---G-C-AA-----T-----	

Figure 1- continued

	251	300
HCV-1	1a CCCTCTATGGCAATGAGGGCTGCGGGTGGCGGGATGGCTCCTGTCTCCC	
HCV-J	1b -----C-----TATG-----A-----A-----	
HC-G9	1c -----C-----T-----	C-----
BNL1	1d -----	N-----C-----
BNL2	1d -----A-----	C-----
FR2	1f -----CT--C-----A-----	C-----T
HC-J6	2a -----A--C--G-----ACT-----C-----A-----C-----	
HC-J8	2b -----G--C--A--C-----T-----C-----T-----C-----	
S83	2c -----G-----G-----CT-----C-----A--G-----C-----	
NE92	2d -----G--C--G-----CT-----C-----A--G-----C-----	
FR4	2f -----G--C--G--C-----CT-----C-----A--G-----C-----	
BNL3	2e -----G-----G--C-----GCT-----C-----A-----C-----	
BNL5	2h -----G-----G--C-----CTT-----T-----A-----T-----C-----T	
NZL1	3a -----T--C-----	A--G-----C--A-----
HCV-TR	3b -----C--G--A-----T-----T-----A-----T-----C-----	
NE48	3c -----C--T-----	C-----
NE274	3d -T--T-----T-----A-----T-----C-----	
NE145	3e -----T--C-----A--G-----T-----T-----	
NE125	3f -----G-----T-----A-----	
Z4	4a -----	A--G-----T-----
Z1	4b -----T--C-----T-----A--G-----C-----	
GB358	4c -T--T--C--T-----T-----	A--T-----
DK13	4d -----T--C-----	A-----
GB809	4e -----T--C-----T-----A--G-----C--T-----	
BNL7	4k -T--T--C--T-----T-----ANN-----T-----C-----	
BE95	5a -----T--C--C-----CT-----A--G-----G--C--C--T-----	
HK2	6a -T--T-----A--C-----T-----A--T-----C-----	
FR1	7a -----T-----C-----A-----C-----	
VN4	8a -T--T-----A-----T--T-----A--C-----C-----	
VN13	8b -T--T-----G-----T--T--C-----A--G-----C-----	
VN12	9a -----T-----G--C-----C-----G-----T-----C-----	
NE98	10a -----A-----G-----A--G-----C--G-----	

Figure 1 - continued

	301	350
HCV-1	1a CGTGGCTCTCGGCCTAGCTGGGGCCCCACAGACCCCCGGCGTAGGTCGCG	
HCV-J	1b -----T-----	
HC-G9	1c --C-----T-----TT-T-----G-----A--	
BNL1	1d --C-----	
BNL2	1d --C-----	
FR2	1f --C-----C-T-----AT-----A-----A--A--	
HC-J6	2a --A-----T-----C-T-----CTCT-----AT-----A-----C--	
HC-J8	2b --C-----G-----T-----CT-----C-----A-----A-----A--	
S83	2c --C-----T-----C-----TCA-----C-----A-----AA-----	
NE92	2d --A-----G-----C-----GTCA-----A-----T-----AC-----A--	
FR4	2f --G-----C-----CTCG-----A-----AC-----AC-----A--	
BNL3	2e --A-----	
BNL5	2h --A-----	
NZL1	3a --C-----C-----T-----ATC-----A-----AT-----G-----C--	
HCV-TR	3b -----T-----C-----T-----A-----AT-----A-----C--	
NE48	3c --C-----T-----G-----A-----AT-----A-----A-----C--	
NE274	3d --C-----ATCT-----AT-----A-----T-----A-----T--	
NE145	3e --C-----C-----A-----G-----T-----AC-----A-----C--	
NE125	3f -----C-----C-----T-----A-----AT-----A-----A--	
Z4	4a --C-----ATCT-----A-----AT-----T-----G-----A-----	
Z1	4b --C-----T-----CA-----GTCT-----AT-----T-----C--	
GB358	4c -----A-----GTCT-----A-----AT-----T-----A-----C--	
DK13	4d -----GTCT-----G-----AT-----T-----G-----C--	
GB809	4e --C-----G-----GTCT-----T-----AT-----T-----G-----C--	
BNL7	4k --C-----T-----	
BE95	5a --A-----AT-----AT-----A-----AA-----	
HK2	6a --C-----C-----ACAT-----AT-----C-----A-----C--	
FR1	7a --C-----G-----T-----AT-----AC-----A-----C--	
VN4	8a --C-----C-----A-----AT-----A-----AC-----G-----C--	
VN13	8b -NC-----C-----AT-----T-----AT-----N-----G-----C--	
VN12	9a -----C-----GGA-----N-----AT-----N-----G-----C--	
NE98	10a --C-----	

Figure 1 - continued

	351	400
HCV-1	1a CAATTGGGTAAGGTACATCGATAACCCTTACGTGCGGCTTCGCCGACCTCA	
HCV-J	1b T-----A-----	
HC-G9	1c -----C-----T-----	
FR2	1f -----A-----T-----T-----	
HC-J6	2a ---CG-----A-----T-----	
HC-J8	2b -----C-GA-----A-----T-----T-----T-----	
S83	2c ---C-----A-----T-----T-----	
NE92	2d ---C-----T-----T-----	
FR4	2f ---C-----C-----T-----T-----S-----	
BNL3	2e -----N-NT-----	
NZL1	3a -----A-----A-----A-----	
HCV-TR	3b -----C-T-----A-----T-----A-----	
NE48	3c -----A-----G-----	
NE274	3d ---CC-----A-----A-----A-----T-----	
NE145	3e -----C-T-----C-A-----G-----T-----	
NE125	3f ---C-----C-----T-----A-----T-----	
Z4	4a ---C-----G-----	
Z1	4b T---C-----A-----G-----T-----	
GB358	4c ---C-----A-C-----T-----	
DK13	4d ---C-----A-----T-----	
GB809	4e ---CC-----A-----A-----	
BE95	5a T-----A-----A-----T-----	
HK2	6a G-----A-----T-----G-----T-----	
FR1	7a ---C-----A-N---NC-A-----	
VN4	8a ---C-----A-----C-----T-----	
VN13	8b ---CC-----T-----N-----S-----	
VN12	9a ---CC-----C-----C-----T-----	

Figure 1 - continued

	401	450
HCV-1	1a TGGGGTACATAACCGCTCGTCGGCGCCCTCTTGGAGGCCTGCCAGGGCC	
HCV-J	1b -----T-----T-----C--A--G-----	
HC-G9	1c -----C-----T-----A--G-----A--T	
FR2	1f -----T-----C--A--G-----T-----AA--	
HC-J6	2a -----C--TG-----A-----G--C--C-----TC-----A--T	
HC-J8	2b -----C--TG-----T-----GG-----TC-----A--T	
S83	2c -----CG-----T-----T--CG-----C-----T-----A--	
NE92	2d -----C--TG-----AG-----T--T--TC-----A--T	
FR4	2f -----TG-----G--G--C-----T-----A--	
BNL3	2e -----N--CG--T-----GG--G--C--G--TN-----	
NZL1	3a -----C-----T-----G--A-----TC--A--A--	
HCV-TR	3b -----T-----G--G--G-----TC--A--A--	
NE48	3c -----T-----CG--G--G-----T-----A--	
NE274	3d -----T-----T-----G--A--G-----TC--A--A--T	
NE145	3e -----T--T-----T-----GG--A-----TC--G-----	
NE125	3f -----T-----T--T-----CG--A--G-----TC--A--	
Z4	4a -----A-----C--A--G-----CG--G--G-----TC-----T	
Z1	4b -----A-----T-----A-----G--G--T-----TC-----	
GB358	4c -----A-----C-----A-----CG--G--T-----TC-----	
DK13	4d -----A-----C--G-----A-----CG--G--T-----TC-----A--	
GB809	4e -----A-----C-----T--A-----CG--G--T-----TC-----A--	
BE95	5a -----T--C-----A-----G-----CA-----G-----TC--A-----T	
HK2	6a -----T--CG-----G-----G-----T--G--C-----TC--GGCT--G	
FR1	7a -----C--TG--C--A--A--GG--G-----C-----T---GGCT---	
VN4	8a -----T--C--TG-----A-----T--GW--G-----TC--GGN-----	
VN13	8b -A--A-----T--	
VN12	9a ---A-----C--TG-----T-----C-----T---GGC--AA	

10 / 74

Figure 1 - continued

	451	500
HCV-1	1a CTGGCGCATGGCGTCCGGGTTCTGGAAGACGGCGTGAACATGCAACAGG	
HCV-J	1b -----A-----T-----G-----	
HC-G9	1c -----A-----T-----TA-A-C-----T-C-----	
BNL1	1d -----	
BNL2	1d -----	
FR2	1f ---N-A-----T-----C-----N-G-----TNNNNNNNNNNNN	
HC-J6	2a --C-----GA-A-C-----G-----G-T-T-T-----	
HC-J8	2b -----A-C-T-----TA-C-----G-----GA-A-T-C-----	
S83	2c --C-C-----G-----GA-----G-----GA-A-T-----G-----	
NE92	2d --C-----GA-A-----GA-A-----GA-A-----	
BNL3	2e --C-N-----G-----C-----G-----GA-A-T-N-----	
FR4	2f --C-----G-----C-----G-----GA-A-T-----	
BNL4	2g -----G-----A-----T-----	
BNL5	2h -----G-----A-----C-----	
BNL6	2i -----G-----A-----	
NZL1	3a --C-----GA-CC-T-----GA-A-T-TC-----	
HCV-TR	3b --C-T-----T-----GA-CA-T-GG-----A-----	
NE48	3c --C-----GA-C-T-G-----GA-T-----TC-----	
NE274	3d --C-A-T-----GA-A-CC-T-G-----AA-A-T-TC-----	
NE145	3e --C-A-C-G-AA-C-C-G-----AA-A-T-T-----	
NE125	3f --A-A-T-----GA-C-T-G-----AA-A-T-----	
Z4	4a -----A-C-G-----G-----GA-T-----	
Z1	4b -----A-CCG-----G-----AA-T-C-----	
GB358	4c -----A-C-T-TA-C-G-----G-----GA-C-T-G-----	
DK13	4d -----A-C-----G-----G-C-T-----	
GB809	4e -----A-C-T-TA-C-G-----GA-C-C-----	
BNL7	4k -----GA-C-T-T-----	
BNL8	4k -----GA-C-T-----	
BNL9	4k -----GA-T-T-----	
BNL10	4k -----GA-C-T-----	
BNL11	4k -----GA-T-T-----	
BNL12	4l -----GA-C-T-----	
BE95	5a --C-A-C-T-----GA-C-T-G-----G-A-----	
HK2	6a --C-A-----GA-CAA-C-G-----GA-C-T-----	
FR1	7a -----TA-CAA-C-G-----G-C-T-C-----	
VN4	8a T-----G-AN-NCA-C-G-----N-A-T-C-----N-----	
VN12	9a ----NA-----T-A-CCA-C-G-----GA-A-----	
NE98	10a -----AA-T-T-TC-----	

11/74

Figure 1 -continued

	501	550
HCV-1	1a GAACCTTCCTGGTTGCTCTTCTCTATCTTCCTCTGGCCCTGCTCTCTT	
HCV-J	1b ---T--G--C-----CT-A--TT---G-----	
HC-G9	1c -----C--C-----T-----T-G--C--T--T--A--C--	
BNL1	1d -----T-G--C-----CT-----TT-----G--C--	
BNL2	1d -----TT-G-----CT-A--TT-T--G--C--	
FR2	1f N-----N-----NN-----CT-----NT-A-----	
HC-J6	2a -----T-A--C-----C--T-----T-G-----G--C--	
HC-J8	2b -----TT-A--C-----T-----TT-G--T--T--T--G--A--	
S83	2c -----TT-G--C-----T-----CT-----CT-G-----	
NE92	2d -----T-G--C-----C--T-----T-AT-----A-----	
BNL3	2e -----C-----C--T-----TNGT-----T--T--G-----	
FR4	2f -----T-G--C-----C--T-----T-G-----T--CT-G-----	
BNL4	2g -----T--G-----T-----T-GT-----T--T--G-----	
BNL5	2h -----T--G--C-----C--T-----T-G-----T-----A--C--	
BNL6	2i -----G-----C--T-----T-A-----T-----	
NZL1	3a -----T-G--C-----C--T-----T--T-----T-----	
HCV-TR	3b -----T-----C--T-----T-----C--C--T--CT-----C--	
NE48	3c -----TT-A-----C--T-----T-G--T--T--CT-----A--	
NE274	3d -----TT-A--C-----T-----T-G--T--TT-----	
NE145	3e -----C-----T-----T-G--T--T-----G--A--	
NE125	3f -----TT-G--C-----C--T-----T--T--CT-----A--	
Z4	4a -----T-----C-----T-----A--T--T--G-----	
Z1	4b -----T-----C-----T-----A-----T-----G-----	
GB358	4c -----T-----C-----T-----CT-----A--T--T--G-----	
DK13	4d -----T-----C-----CT-----A-----G-----	
GB809	4e -----T--C--C-----C--T-----CT-----A-----T-----G-----	
BNL7	4k -----C--C-----C--T-----CT-----A--C-----G-----	
BNL8	4k -----C-----T-----CT-----A--C-----G-----	
BNL9	4k -----T-----C-----C--T-----CT-----A--T-----G-----	
BNL10	4k -----TA-----C-----Y--T-----Y-----A--T-----G-----	
BNL11	4k -----Y--C--C-----T-----CT-----A--T-----G-----	
BNL12	4l -----C--C-----A-C-----A--T-----G-----	
BE95	5a -----TT-A--C-----TA-----T--T--T-----G-----	
HK2	6a -----T--C--C-----T-----A--A-----G-----	
FR1	7a -----T-----C--T-----CT-----A--A--T--A--G-----	
VN4	8a -----T-----C--NN-----N-----N--CT-----A--T-----G-----	
VN12	9a -----T-----WCT-----A--T-----G-----	
NE98	10a -----TT-A-----TT-----A-----	

Figure 1 - continued

	551	600
HCV-1	1a GCTTGACTGTGCCGCTTCGGCCTACCAAGTGCACACTCCACGGGGCTT	
HCV-J	1b -T-----CA-C-A-C-T-G-G-----GTGT-C-A-A	
HC-G9	1c --C---A-C-T-----GT-GG-----TT-----G-G	
BNL1	1d -----G-T-AA-KA-C-TC-G-G-----G-AT-C-G-G	
BNL2	1d -----G-T-AA-A-C-TC-TG-G-----G-AT-C-G-A	
FR2	1f --C-C-A-C-A-C-T-----TG-G-A-G-A-A-C-ATGGC	
HC-J6	2a --A-C-CACC-G-TC-C-TGC-G-AAG-AT-GTACCGGC	
HC-J8	2b --G-C-A-A-TG-T-AGTGG-CA-G-ATT-GTTCTAGC	
S83	2c --A-CT-A-T-C-GTGG-G-CAAGG-A-GGC-ACTCC	
NE92	2d -TA-C-G-TC-C-G-TG-G-CAAG-A-GCA-CTC	
BNL3	2e -TG-C-C-T-TC-T-N-GTTG-G-CAAA-TA-GTCA-GCC	
FR4	2f -TA-C-C-TG-T-ATA-G-TAAG-AA-GCCACT-C	
BNL4	2g -TG-C-C-T-TC-T-GTGG-TAAG-A-GTACCA-G	
BNL5	2h -TC-C-G-G-C-TGTG-G-CAAG-A-GCCACTC	
BNL6	2i --A-C-C-G-TC-T-GTGG-TGCG-CG-GT-TTC	
NZL1	3a -----A-T-CAT-A-AG-CAGTCTAG-GTG-G-TA-GT-T-C-C	
HCV-TR	3b -----TGC-G-T-G-TAG-GTACACG-A-GT-T-C-A	
NE48	3c -----GTCTGT-T-AG-A-GGCT-G-GTAC-G-TGTAT-C-C-C	
NE274	3d -----GTCTGT-T-G-A-GGATTG-TAC-G-TGTGT-T-C-C	
NE145	3e -----CT-TGC-T-AGTC-GG-TGG-G-T-G-AT-C-T-C	
NE125	3f -----GT-TCC-AG-GGCTAG-GTACA-G-A-GT-C-C-A	
Z4	4a --C-C-T-A-G-TG-G-CTAC-G-TG-TT-CA-C	
Z1	4b --C-AACA-A-A-T-GTGG-CTAC-G-TG-TT-CG-C	
GB358	4c --C-T-A-C-GT-A-CTAT-TG-T-CA-C	
DK13	4d --C-T-A-CTAT-AG-T-TG-C	
GB809	4e --C-C-T-G-G-GTTA-CTAT-TG-TT-CG--	
BNL7	4k --C-C-AT-A-CTAT-TGT-T-CA--	
BNL8	4k --C-ATTA-CTAC-A-T-CA-C	
BNL9	4k --C-ATTA-CTAC-A-T-CA-C	
BNL10	4k -TC-C-ACTA-CTAT-GT-T-CA-C	
BNL11	4k --C-AC-A-CTAC-TGT-T-CA--	
BNL12	4l --C-C-G-C-TC-G-TTAT-G-TGT-T-CA--	
BE95	5a -TC-C-T-G-C-T-AGTT-CCTAC-A-TG-T-T-A--	
HK2	6a --C-C-AAC-A-TCTTACCTACG-GT-A	
FR1	7a --C-C-ACA-A-C-A-AATT-CAAG-G-T-T-A-C	
VN4	8a --C-T-AACA-A-C-GGCG-TTATAC-AAGT-T-C-G	
VN12	9a --C-C-CAC-T-C-ACTAA-CTATGCT-AAGT-T-G	
NE98	10a -----CT-ACA-A-AG-C-GGCTGG-GTAC-T-TG-T-C-A-C	

Figure 1 - continued

	601	650
HCV-1	1a TACCACGTCACCAATGATTGCCCTAACTCGAGTATTGTGTACGAGGCCGGC	
HCV-J	1b -----T-----G---C---C---T-C-----A-----T-----A--	
HC-G9	1c -----T-----C-----C---TG---TCCG-----A---A	
BNL1	1d -----T---T-----C---C---TT-C-----C---CA-C---T---AT---A	
BNL2	1d -----T---TC-----C---TT-C-----C---CA-C---T---AT---AG	
FR2	1f -----T-----C---TT-C---GGC---C---C---A---T-----AAA	
HC-J6	2a ---ATG---G-----C---C---A-C---TGAT---C---ACC-GGC-ACTCCA	
HC-J8	2b ---T---C---T-----T-A---AAC---C---CACC-GGC---CTCA-	
S83	2c ---ATGCCG-----C-----T-C-----T-----C---T-GGC---CTT-A	
NE92	2d ---ATG---A-----C-----AG---AGT---C---C---C-GGC---CTCAG	
BNL3	2e ---TATG-CA-----C---C---T-C---AAC---C---C---A-GGC-ATT--N	
FR4	2f ---ATG-CG---T-----C---TG-C---TGAC---C---C---C-GGC---CTCAG	
BNL4	2g ---ATG-CA-----C---TT-C---AAC---C---CA-C-GGC-AAT-CA	
BNL5	2h ---TATG---G-----T-A---AGC---C---C-GGC---CTTAA	
BNL6	2i ---ATG---G-----T-G---AGC---C---C---T-GGC---CTC-A	
NZL1	3a ---GT-C-T-----C---C---TT-C---TAGC-----T-----C-A	
HCV-TR	3b ---TGTGC-T-----C---C---T-----TGG---C-----C-A	
NE48	3c ---ATAC-----C---TT-G---AGC---C---A-----T-----C-A	
NE274	3d ---GTGC-----C---C---T-----GGC-----C-----T-----CC-	
NE145	3e ---ATGC-----C---T-A---AGC---C---A---A---T-----A	
NE125	3f ---ATAC-T-----C---C---T-----AGC---C---C-----T-----T-A	
Z4	4a ---T---A-----T---G---T---C-----A---C---T---A---T-A	
Z1	4b ---T---T-----A-C---C---A-----A---A	
GB358	4c ---T---A-----C-----G-----C---A-----A-C-A	
DK13	4d -----T-----C-----G-----C---A-C---T---AA-C-A	
GB809	4e ---T---A-----C---C-----G---TG---C---A-----A-C-A	
BNL7	4k -----T-T-----G---T---A---C---A-----T-----C-A	
BNL8	4k -----C-----G-----C---A---T---T-----C-A	
BNL9	4k ---T---TA-----C---C-----G---T---A---C---A-----T-----C-A	
BNL10	4k -----T-----C-----G---T---A---C---A-----T-----C-A	
BNL11	4k -----T-----C-----G---T---A---C---A-----TT-----C-A	
BNL12	4l -----C-----G-----C---C---A-----T-----T---T-C-A	
BE95	5a ---T---T---T-----A-----TTCC---A---C---T-----A-A	
HK2	6a -----TC-----A-----C-----C---C---C---CTG-----A	
FR1	7a -----TC-T-----C---T-G---AAC---C---C---T---TT-----A	
VN4	8a -----TC-----C---C-----C---AGC---C---C---T---T-----A	
VN12	9a ---T---TC-A-----C-----C---TAGC---C-----T-----AA	
NE98	10a ---ATG---A---T---C---C---AG---GGT-----C-----T-----C-G	

Figure 1 - continued

14 / 74

	651	700
HCV-1	1a CGATGCCATCCTGCACACTCCGGGTGCGTCCCTTGCCTCGTGAAGGGCA	
HCV-J	1b G--CATG---A-----C--C-----G--C-----C--G---A-T-	
HC-G9	1c GA-CCTG---A-----TCTG--C-----T--G--C-A---A--C-----	
BNL1	1d --G-ATG---A-----TAC--A-----G--C-----G-----AT-	
BNL2	1d T-G-ATG---T-----G-C--A-----T--G--C-----G-----AA--	
FR2	1f G--CAT-----T-----G--T-----N--G--C-----A-A--G--A-----	
HC-J6	2a G-C---TG---C---GTC--C-----G-----AGAAA-T---G-	
HC-J8	2b T--C--AG-T--C--TCT---T--A-----A--T-AGAA---TAATG	
S83	2c A-GA--AG-G--T--T-----T--A-----T-AG---ACC-C--	
NE92	2d G-----TG-T--T--GTC--C-----T-----T-AGGAGA-----	
BNL3	2e G--C--GG-G--T--TGT---T--A--T-----C-----AGAA-AGCTC-G	
FR4	2f G--C--GG-G--C--TGT---T--A--T-----C--T-AGA-GTCA--T-	
BNL4	2g G-GC--GG-G--T--TGT---T--A--T-----G--T-AGTTGC-----	
BNL5	2h G-----TG-G--T--GTC--T--A--T--T--A--T-AGA-GC-CCAA-	
BNL6	2i G--G---G-----T--GTC--T--A--T--T--C--T-AGT-GA---A--	
NZL1	3a T-----T-----A--C--C--T--A-----T--C-AG--C-----	
HCV-TR	3b A-----TG---T-----TTA--C--A-----G--C-----CACAAAC-	
NE48	3c -C---T-----T-----TTG--C--T-----A--C-----C-AAA-CAAT-	
NE274	3d T--A-T-----T-----TTG--A--T--T--G--C-----AATCA-----	
NE145	3e A-----TG-----TG--T--T-----T--C-----G-AGA-C-----	
NE125	3f TA---T-----TG--C--C--T--G--C-----AC---C-----T-	
Z4	4a -C--CA-----A--TTG-----A--C--T--GATGACT--G-	
Z1	4b GC-CCA-----A-----TTG--A-----T-----C--T--G--GAC--AG-	
GB358	4c GC-CCA-----A-----CTC--A-----TT-A--C-----GA-G-TT--G-	
DK13	4d TT-CCA-----T-A-----CTC-----A-----T-----GA-G--A--G-	
GB809	4e -A--CA-----T-A-----CTC--A-----A--C--T--GAAGACC--G-	
BNL7	4k -C--CA-----T-----CTC--A--T-----G--C-----GA-A-----G-	
BNL8	4k -C-CCA-----T-----CT-----A--T-----G--C-----GA-AACT--G-	
BNL9	4k -C--CA-----T-----TCTC--A--T-----G--C-----GA-A-T--G-	
BNL10	4k -C--CA-----T-----AGCACT--A--T-----G--C-----GA-A-T--G-	
BNL11	4k -C--CA-----T-----CT-----A--A-----G--C-----GAAA-----A-	
BNL12	4l -C--CA-----T-A-----CTA--A-----T--A--C--T--GAAGACT--G-	
BE95	5a TA-CCTG-----A---G-A--T--T-----G-----T--CATGACA--T-	
HK2	6a T-C-ATG---T-----TTTG--T--A---T-G-----T--GA-G-TC-ATG	
FR1	7a GACCATG--A-----TCT--A--T--T-----A--TA-CAAG-C---G-	
VN4	8a GACACTG--TT-----TTG--T-----T--A-----T--GAAGRT-RA--	
VN12	9a T-GCATG-----TCTC-----T-----C-----GAAGACC-----	
NE98	10a G---ATT-----C---TTA--T--C--T-----C-----A--CTCT-----	

Figure 1 continued

	701	750
HCV-1	1a ACGCCTCGAGGTGTTGGGTGGCGATGACCCCTACGGTGGCCACCAGGGAT	
HCV-J	1b -TTT---CC-T--C---A---C-C--T--C---C-C--GG---A-C	
HC-G9	1c -----CT-CC-T-GT--C--C--A---G-----	
BNL1	1d --CATCTCC-C--C---A-----C-C-----C---C-T--GGT--AAA-Y	
BNL2	1d --T-T--TC-T--C---A--C-RC-C-----C---C-T--GGT--AA--C	
FR2	1f -TAT---CC-T--C---AC--C-C-----C---C-C--AG-GC--ATC	
HC-J6	2a -TA-A--TC----C---A-AC--G-CT-A--G-AT-----GTGCA-C-G	
HC-J8	2b G-A---T-CAT--C---A-ACAAG-A--A--C-AC-----TGTG-AAC-C	
S83	2c ---T---TC-A-----C--G-TG-----C-ATC-C-----TA--TC-A	
NE92	2d --ATA--CC-C-----A-AC--G-TT-G--C-ATA-A--TGTG--CC-A	
BNL3	2e GTCGG-TCCAC-----A-CC-----CT-G--C-ACA-A---GTG--CA-A	
FR4	2f -TAGGA-CTTC-----ACA---G-CT-G--C-AC-----TGTG--CCGA	
BNL4	2g -TAAG--CC----C---A-AC--G-C--T--C-AC-----TGTG-ACC-G	
BNL5	2h -TCAG--TC-C--C---A-AC-TG-----A-C-AT-----GTG--CC-A	
BNL6	2i --A----CC-C--C---A-AC--G-C-----ACA-C--TGTG--CC-A	
NZL1	3a -TA-A--T-C----C---ACCC-AG-----A-----A-----AGT----T-C	
HCV-TR	3b --CAA--ATCA--C---ACAA--G-CT-AA-G-----GTT---ACC	
NE48	3c --A--A--C----C---A-AC--G----T--G--A-----GGT---TC-C	
NE274	3d --T----CAA--C---A-TC--G--G-A--A--A-----GGTT-A-T-C	
NE145	3e --A-A--GA--C---ACCC--GC-----A-A-----AGT---AT-C	
NE125	3f --CAG--A-----C---AC-C-AG-A--A--G--A-----TGT--AAC--	
Z4	4a --A-A--C-T--C---AC-C--G-----A-----TGT-GCAC-C	
Z1	4b -TA-T--TC-C--C-----C-CT-----C--T-----G-GCCCT--	
GB358	4c -TCAG--AC-C--C-----CC-C--T--C--C-----GG-GCCTT-C	
DK13	4d --AAG--T-CA--C-----T-TC-C-----C--C-----TG-GCAAC--	
GB809	4e --CAG--C-----CC-C--T--C--A-----GT-GCCTT-C	
BNL7	4f -TCAG--AC-T--C-----A--CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C	
BNL8	4g -TCAG--AC-T--C-----CC-T--T-----C--C--AG-GCCAT-C	
BNL9	4h -TCAG-----T--C-----CC-T-----CA-C--AG-GCCAT-C	
BNL10	4i --CAG--AC-C--C-----CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C	
BNL11	4j -TCAT--AC-C--C-----CC-T-----C--C--AG-GCCAT-C	
BNL12	4l --A-T---C-C--C-----CT-A--A-----C-----G-GCCCAT-A	
BE95	5a -T-TGAGT--A--C-----CCAA--T-----AC--T-AG--CC-AGC	
HK2	6a -TCGG--C-CC-----CAT--TG-----C--CC-----TACCAA--	
FR1	7a -T-AG--AC-A-----C-CC-TG-CT-----C--CT-A---GT-CCCA-C	
VN4	8a -TCAA--CC----C-----CA-GCCT-----G--CC-----AGTGCC-A-C	
VN12	9a --CTGA-C-A-----C--T--GCCT-----G--AT-----GGTGCA-A--	
NE98	10a -TA-A--A--A--C---A-CC-TG---G---Y--C---C---GTG-A-TCG	

Figure 1 - continued

	751	800
HCV-1	1a GGCAAACCTCCCCGCGACGCAGCTCGACGTCACATCGATCTGCTTGTCCGG	
HCV-J	1b A---GCA-----A-C---ACAA-A---C---G---T---C---T--	
HC-G9	1c TCGCGCG-----TC-GTG--G---G---GTG---CTC-A-----	
BNL1	1d -CT-GTG-----A-TR--GCAA-C-----G---CT-----T--	
BNL2	1d -CT--TG----TA-TG--GCAA-C-----C--TG---CT---G---T--	
FR2	1f -CG--CGCT---ATCGATG--G-G--G-----G---C---C---G--	
HC-J6	2a CC-GGCCGC--T-A--CA-GGCT-A--GACG-----T--CA--G---GAT	
HC-J8	2b C---GGTGCCT-A-TCGTAGC--G---ACA---G---CA--A-C--AAT	
S83	2c CCTGGCGCT-T-A-T-A-GGC--G---GCA-----A-CA-C--GAT	
NE92	2d CCTGGTGCG-TTA-C-A-GGC--G---GACG--T--T---ACCA-CA-T-C	
BNL3	2e CCTGGTGCT-T-A-C-A-GGA--G---GGCA-G---T---GCCG-C--GAT	
FR4	2f CCTGGTGCT-T-A-T-GAGGT--G---GGC-----T---ACCA-C--GAT	
BNL4	2g CC-GGCCGC--T-A-T-G-GGCT-G--GACG-----T--CACCA-C--GAT	
BNL5	2h CCTGGCGCG-T-A-C-G-GGTT-G--GACG-----T--CACCA-C--T-C	
BNL6	2i CCTGGCGCG-TTA-C-A-GGC--G---GACA--T--T--CA-CA-----C	
NZL1	3a -T-GG-GCAA-TA-TG-TTC-A-A--CA-----TG-G--C--AT-A--A--	
HCV-TR	3b CTTGGCG-GA--A-CG--TC-A-C---ACC--TG-G---A---G--A--	
NE48	3c -T-GGTGCGA--A-CG-ATC-A-C--CG-G--G-G-----G--G--	
NE274	3d -CTGGCGCGA--A-TG-ATC-A-C--CA-----TG-G-----G--G--	
NE145	3e -CTGGTGCAA-GA--G-TTCCG-A--CG-A--G-G---T---A-----	
NE125	3f CCTGGCGCAGT-A-CG-ATCAA-C--CA-G--TG-G---T--A-G--G--	
Z4	4a CCGGGCGCT--GCTTGA-TC-T-C--G--A--TG-G--CT-AA-G--A--	
Z1	4b CC---CGCA--GTTAGA-TCCA-G--CA-G--TG-A--C--A-G--G--	
GB358	4c AT-GGGCGCT--GCTTGAATCC--C--GA-----TG-G-----A-G--A--	
DK13	4d CTG--TGCT--GCTTGA-TCTT-GA-----G-G-----A-G--G--	
GB809	4e -T-GGTGCT--GCTCGA--CCT-G--G--C--TG-G--C--A-G--A--	
BNL7	4k AT-GGGCGC--ACTTGA-TCT--A--GA-----TG-G--CT--A-G--G--	
BNL8	4k AT-GGGCGCA--GCTTGA-TCT--G--GA-----TG-G-----A-G--G--	
BNL9	4k AT-GGGCGCA--GCTTGA-TCCT-G--GA-----TG-G-----A-G--G--	
BNL10	4k AC-GCGGCG--GCTTGA-TCC--G--GA-----TG-G-----A-G--G--	
BNL11	4k AT-GGGCGCG--ACTTGA-TCT--A--GA-----TG-G---G--A-G--G--	
BNL12	4l CTTTCGGCT--ACTT-T-TCCG-A--G--G--TG-G-----A-G--G--	
BE95	5a CT-GG-GCAGT-A--G-T-CT-----GA-AGC-G-T--CTAC--A-CG--	
HK2	6a -CTTCCACG-----A---GGAT-C--CA-G--TG-G-----T---CG--	
FR1	7a TCATC-G-G--AATCCACGG-T---C--A---G-A--C--C--C--T--	
VN4	8a -CGTCTACG--A-TC--CGG-T-C--CAA--TG-G--CA-CA-G--G--	
VN12	9a -CGTCGG-GT--ATC-G-GGTG-C--CGAG---G-G--C--CT-G--G--	
NE98	10a CC-TGCGC-G--A-CG-CTCT--C--CACG---G-G--A--A-G--G--	

Figure 1 - continued

	801	850
HCV-1	1a GAGCGCCACCCCTCTGTTGGCCCTCTACGTGGGGACCTATGCGGGCTG	
HCV-J	1b -GCG--TG-T-----C--TA-G-----T-----T--C-----A--C-	
HC-G9	1c -GC---TG-GT-----TA-G---T--A-----C--CA	
BNL1	1d -G-NN-----GT-----C--TA-G-----R-----T-----	
BNL2	1d --CA---G-GT-TC---C--TA-G-----C-----A--C-	
FR2	1f -GCA---GTGT---C--A---A-G---A-T-----T--T---GGC-	
HC-J6	2a -TC-----G-----C--C--T--T-----C-----TGGG-	
HC-J8	2b -GCA--T--GGC---C-----T-G--T-----A--TG-G-----G-C-	
S83	2c -TCT--T--GG-----T-----T-----G-G--T--CG-GC	
NE92	2d ATC---T--GT-T--C--T-----G--A-A--A-----G--T--CG-G-	
BNL3	2e -TC-----C--T-----G-----A--TG-G-----CG-A-	
FR4	2f -TC-----C--T-----A--A-A-----CG-----	
BNL4	2g -GT---T--G-----T--A-----A-C-----G-G--T--CG-G-	
BNL5	2h -TCT--T--G-----C--A--TT-G--T-----C--T-C-----CG-A-	
BNL6	2i -TC-----GT-----C--T-----T-G--T-----	
NZL1	3a CGCG-----GA-G--C--T--G-----T--TA-G--T--G--	
HCV-TR	3b CGCACGACAA--G-----G--G-----C-----GCT-T-----G--	
NE48	3c T-CG--T--AT-G-----A--T-----C--T-----T-----G-A-	
NE274	3d AGCT--T--GT-G--C--C--G--G--T--T--C--TA-G--T--AG-C-	
NE145	3e C--T-----T--G--C--C--G-----T--C--T-----T-----G-C-	
NE125	3f TGCA-----G--G-----A--A-----T--T--A--TT-G-----G--	
Z4	4a CGCG-----TT-G-----T-----T--T-----C-----AGG--	
Z1	4b TGCG--T--TA-G-----C--T-----A-T--A--T--G--T--AGGC-	
GB358	4c TGC---T--TGCG--C--C--T--T-----A-C--A-----G-----TGGC-	
DK13	4d CG-----T-----C--C-----A-C--A-----G-G--T--GG--	
GB809	4e TGCT-----G-G--C--C-----C--C-----G-----TGGCT	
BNL7	4k -GC-----TG-T-----A-----T-----A-C-----TT-R--T--YGGCT	
BNL8	4k -GCT-----TG-T--C--A-----T-----A-C-----TT-G--T--CGGCT	
BNL9	4k -GCG-----TG-----A-----T-----A-C-----TT-G--T--CGG--	
BNL10	4k AGCT-----TG-T-----A-----T-----A-C-----YT-G--T--CGGCT	
BNL11	4k -GCT-----TG-T-----A-----T-----A-C-----T--G-----TGGCT	
BNL12	4l TGCA--T-----A-CG--T-----T-----A-----C-----GG--	
BE95	5a AG-G--TG-----C--C--GT-A-----A--A-----GCG--T--G-AC	
HK2	6a CGC---AGTGG-T--C--AT-----G---A-C-----G--T--C---C	
FR1	7a -GCA--GG-AT-T-----A-G---A-C--A-----C--T--TAGCA	
VN4	8a CGCT---G-GT-----A--TA-G--T-----G-----GGCC	
VN12	9a TGCT--TG-GT-----C--T--A-G-----C--T-----TGGGC	
NE98	10a RGCG-----A--C--A--T-----A--A-----T--T--AG-GC	

18/74

Figure 1 - continued

	851	900
HCV-1	1a TCTTTCTTGTGGCCAACTGTTCACCTCTCTCCCAGGCGCCACTGGACG	
HCV-J	1b -T-----C---TC---G-----A---TC-C---GT-TGA-----	
HC-G9	1c -----C-----T-----GA-C-----A-----T-----	
BNL1	1d -----C---C-CT---G---A-----T---A---C-CATG---CAT--A	
BNL2	1d -----C-----G---A-----T---A---C-CTTGT--CAT--A	
FR2	1f -----C---C---T---G---T-----A-GT---C---G---T-----	
HC-J6	2a -GA-G---CA-C---GA-----TTG---G---ACA--A-----TTT	
HC-J8	2b -GA-GA--C-ATCG--GGCT---TGG-A--A--ACAA-----AACTTC	
S83	2c -GA-G---G-C---CT---GG-CG---GT-G-G---G---ACAA-A---TAC-TTT	
NE92	2d -GA-GT-G-CTTCT---G-C-----T-A-----G---CA---AT---TAA-TTT	
BNL3	2e -GA-GA-A-CT-CA---GGCT---T-G-GG-A---G-A-----T-ACTTC	
FR4	2f -GA-GA-A-CA-CG---G-TGC-GT-G---A---GCAATA---TACTTTT	
BNL4	2g -GA-GA-A-CT-CT---GG-TG---TTG---G---GCAA-AT---AACTTT	
BNL5	2h -GA-GT-G---TCT---T-T---TGA---C---TCA--A---ATCTTC	
NZL1	3a -----C---G---A---GCC-----G---AGA--TC-A-----TCAA-----	
HCV-TR	3b -G-----G---A---GC-----AGA--TC-C-----AC---C	
NE48	3c -T---C---C---A---A---GCA-----A---AGA---C-A-----CA---A	
NE274	3d -----CT-G---G---A---GGCT-----AGA--TC-T-AG---AAC---	
NE145	3e -----C-----G---G---GGCC---T---A---AGG---TC-T---T---TAC---T	
NE125	3f -T---C-----G-----GC-----T---AGAG-TC---AA---T-AT---C	
Z4	4a C---C---GA-G---G---GA---A-----T---TCGG---GC-T-----C	
Z1	4b -----C---A---G-----G---GA-----CGA---GC-C---G-----C	
GB358	4c -A---T-G---T---T---GA-----T-T---CAG---GC-----T	
DK13	4d -G---CT-G-----T-----CAA---TC-C-----C	
GB809	4e -A---CT-G---A-----A-----CAA---GC-A-----	
BNL7	4k -G---C---A-----T---GA-----T-T---CGA---A-----T	
BNL8	4k -G---CT-G---T---T---GA-----T-T---CGA---AC-A-----T	
BNL9	4k CG---CT-G---T---T---GA-----T-T---CGA---AC-----C	
BNL10	4k -G---CT-G---T---T---GA-----T-T---YCAG---TC-----T	
BNL11	4k -G---C---G---T---T---GA-----T-T---CGA---AC-----T	
BNL12	4l C---C---A---G---G---GA-----CAG---GC-T-----T	
BE95	5a -A---CT-G---A-----A-----ATAGG---TC-C-AG---GCT---	
HK2	6a -----T-G-CG---A-----A-----TCAG---C-C---T---T-----T	
FR1	7a -AA-CT-G---A---G---G---T---T---T---AGG---T-A-TA---TCA-GTT	
VN4	8a -T---C---C---T---A---G---C-----GC---AGG---TC---ATG---TCA-GTT	
VN12	9a -----C---T---G---GT-----G---AGA-----ATGT-TGA---TC	
NE98	10a -A-----Y---G---GGG---T-A-GGAGA-ATC-C-AG---T-----T	

1 9 / 7 4

Figure 1 - continued

	901	950
HCV-1	1a ACGCAAGGTTGCAATTGCTCTATCTATCCCGGCCATATAACGGGTCACCG	
HCV-J	1b GTA----A-----A-----CG-T-A-----	
HC-G9	1c -----AC-----C-----C-A-----G-G-A-----T--	
BNL1	1d -----G-AG-----C-----A---	
BNL2	1d --A-G-AG-----C-----A---	
FR2	1f GT---G-AC---T---T-C-T---CT-T-----C-----C-----	
HC-J6	2a GT-----AC-----C-----C-T---TACC---C---T---A-----	
HC-J8	2b --C-----AG-----C---T---C-----C-AA---T---C---C---C---T--	
S83	2c GTC---G-AA-----C---T---C---A---C---G-----GC---T-----A-----	
NE92	2d GTC---G-AC-----C---T---C---A---C---A-----C---C---T---A---T--	
BNL3	2e GTC---G-AA-----C---A---C---A-----C---T---A-----T--	
FR4	2f GTC---G-AA-----C---C---A---C---A-----C---A---A---T--	
BNL4	2g T-C---G-A-----T---C---	
BNL5	2h GTC---G-A-----C-----G---A	
NZL1	3a GTC---GACC---T---C-----GC-G---C---A-----C-TT-A---A---T--	
HCV-TR	3b GT---GACG-----C-----G---A---C---A-----G-TT-A---A---T--	
NE48	3c GTT---GCA-----C-----AC-G---C---A---T---G-TT-A-----T--	
NE274	3d GT---GACC-----AC-G---C---T---T---C---T-A---A---A-	
NE145	3e GTC---GACC---C-----GT-G---C---A-----C---A---A---T--	
NE125	3f GTC---GTTG-----AC-A---C---A---A---C---T---A---A---T-A	
Z4	4a -----G-AG-----T---C-----CA-T-----C---C---C---A-	
Z1	4b --C---G-A-----C-----C-----T---T---CG-CT-----C---A-	
GB358	4c -----G-AC-----T---C-----CG-G---G---CG-T-----C---A-	
DK13	4d --C---AC-----T---C-----CA-A---A---C---A---A---A-	
GB809	4e --C---G-AC---T-----T---C-----CG-A---G-----T-----C---T--	
BNL7	4k --T---A-----T---C---	
BNL8	4k G-C---G-A-----T-----	
BNL9	4k --C---A-----C-----C---	
BNL10	4k --C---G-A-----T---C---	
BNL11	4k --C---G-AA-----T---C---	
BNL12	4l GTC---AC-----C---T---C---	
BE95	5a GT---GAAC-----C---T---C---T---CAGT-----G-T---C---C-----	
HK2	6a GT-----AC-----C-----C-----A-A-----CG-C---C---C---A-	
FR1	7a --C---G-A---T---C-----NA-CN-T-----CG-C-----A---A-	
VN4	8a GTC---G-AG---T---C---T---C-----CA-A---G-----C---T---A-----	
VN12	9a G-C---G-AC-----C---T---C-----G-A-----C---C---T---G-----	
NE98	10a GTC---G-AC-----C---T---C---	

20 / 74

Figure 1 -continued

	951	957
HCV-1	1a	CATGGCA
HCV-J	1b	-----T
HC-G9	1c	A-----T
FR2	1f	NNNNNNN
HC-J6	2a	-----G
HC-J8	2b	-----
S83	2c	-----T
NE92	2d	G-----G
BNL3	2e	-----G
FR4	2f	A----NN
NZL1	3a	A-----T
HCV-TR	3b	T-----G
NE48	3c	G-----T
NE274	3d	G-----T
NE145	3e	-----
NE125	3f	T-----T
Z4	4a	G-----G
Z1	4b	G-----C
GB358	4c	G-----
DK13	4d	A-----T
GB809	4e	G-----T
BE95	5a	G-----
HK2	6a	G-----T
FR1	7a	G-----
VN4	8a	A-----
VN12	9a	G-----G

21 / 74

Figure 2

HCV1	1a	1	MSTNPKPQKKNKRNTNRRPQDVKFPGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATR	50
HCV-J	1b		-----R-T-----	
BNL1	1d		-----R-T-----XXXXX-----X-----	
BNL2	1d		-----R-T-----X-----	
CAM1078	1e		-----R-T-----V-----A-----	
FR2	1f		-----R-T-----	
HCJ6	2a		-----R-T-----	
HCJ8	2b		-----R-T-----	
CH610	2c		-----R-T-----	
NE92	2d		-----R-T-----	
BNL3	2e		-----R-T-----	
FR4	2f		-----R-T-----P-----	
HCVTR	3b		---L---RQT---L---N-----V-----V-----	
DK13	4d		-----R-T-----M-----	
CAM600	4e		-----R-T-----M-----	
GB809	4e		-----L-R-T-----M-----	
BNL7	4k		-----R-T-----M-----	
BE95	5a		-----R-T-----M-----	
HK2	6a		---L---R-T-----T-----	
FR1	7a		---L---R-T-----M-----	
VN4	8a		---L---R-T-----I-----	
VN13	8b		---L---R-T-----	
VN12	9a		---L---R-T-----M-----	
NE98	10a		---L---R-T-----X-----V-----Q-----V-----V-----	

Figure 2 - continued

100

		51	KTSERSQPRGRQPIPKARRPEGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSP
HCV1	1a		-----M-----
HCV-J	1b		-----X-----
BNL1	1d	X-X-S	X
BNL2	1d	-----D-----QSD-XX-----H-----	
CAM1078	1e	E-----	
FR2	1f	-----S-----A-----	
HCJ6	2a	D--ST-KS-GK-----L-----	
HCJ8	2b	D--ST-KS-GK-----L-----	
CH610	2c	D--TT-KS-GR-----L-----	
NE92	2d	D--T-KS-GK-----L-----	
BNL3	2e	D-XAT--S-GR-----L-----	
FR4	2f	D--AT-KS-GR-----L-----	
HCVTR	3b	KQ-HL-----SR--S-----K--L-----	
DK13	4d	QL--S-----	
CAM600	4e	T--S-----	
GB809	4e	S--S-----	
BNL7	4k	S--S-----X-----	
BE95	5a	Q-T--S-G-----A--L-----	
HK2	6a	Q-Q--H-----	
FR1	7a	V-Q-T--S-G-----	
VN4	8a	V-HQT-----	
VN13	8b	V-HQT-----	
VN12	9a	A-----V-QNQ-----	
NE98	10a	S-----R-----T-----S-----	

23 / 74

Figure 2 - continued

		101	150
HCV1	1a	RGSRPSWGPTDPRRRSRNLGVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGGAARA	
HCV-J	1b	-----N-----	
BNL1	1d	-----	
BNL2	1d	-----	
FR2	1f	-----N-----	S-T
HC-J6	2a	-----N-----H-----V-----	V-----V-----
HC-J8	2b	-----T-----H-----R-----I-----	V-----V-----V-----
CH610	2c	-----H-----	V-----V-----V-----
NE92	2d	-----H-----	V-----V-----V-----
BNL3	2e	-----	--XX-----X-----V-----V-----X-----
FR4	2f	-----N-----H-----	X-----V-----V-----V-----V-----
HCV-TR	3b	-----N-----F-----	V-----V-----
GB116	4c		V-----V-----
DK13	4d	-----N-----	V-----V-----V-----
CAM600	4e	-X---X---N---X-----	V-----V-----
GB809	4e	-----N-----	V-----V-----
G22	4f		V-----V-----
GB549	4g		V-----V-----
GB438	4h		V-----V-----
BNL7	4k	-----N-----	
BE95	5a	-----N---N---K-----	G-I-----V-----
HK2	6a	-----H---N-----	V-----V-A-----
FR1	7a	-----N---N-----	XXL-----VL-G-----V-A-----
VN4	8a	-----N---N-----	V-----X-----V-X-----
VN13	8b	X-----N---N---X-----	XX-----IE-----
VN12	9a	-----D-X-N---X-----	E-----V-----V-AE-----
NE98	10a	-----N-----	

24 / 74

Figure 2 - continued

		151	200
HCV1	1a	LAHGVRVLEDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAYQVRNSTGL	I-----E---VS-I
HCV-J	1b	-----	-----
BNL1	1d	-----	XT-HE---AS-V
BNL2	1d	-----	F-----TT-HE---AS-V
FR2	1f	-X-----XG-XXXXX--X---XX---X-----	T-----E-HST-DG
HC-J6	2a	-----F-----	I-T-V--AE-K-ISTG
HC-J8	2b	-----I-----	V-----V--VE---ISSS
CH610	2c	-----I-----	S-----IS--V--VE-K-TSTS
NE92	2d	-----I-----	I-----V-GL--K-TSSS
BNL3	2e	--X-----I-----X-----	V-----V-XVE-K-TSQA
FR4	2f	-----I-----	I-----V-I--K-NSHF
BNL4	2g	-----	V-----V--V--K-TSTM
BNL5	2h	--I-----	V-----K-TSHS
BNL6	2i	--I-----	I-----V--V--A-RS-S
HCV-TR	3b	-----A-G-----	F-----C---GLEYT-TS--
GB116	4c	-E-----AV--I-----	S-----T--VNY--AS-V
DK13	4d	-----L-----	-----NY--S-V
CAM600	4e	-----AV--I-----	T--VNY--AS-I
GB809	4e	-----AV--I-----	GVNY--AS-V
G22	4f	-----AV--I-----	VHYH-TS-I
GB549	4g	-----AV--I-----	QHY--IS-I
GB438	4h	-----AV--I-----	V-----R-----QHY--AS-I
BNL7	4k	--I-F-----	INY--VS-I
BNL8	4k	--I-----	INY--TS-I
BNL9	4k	--I-----	INYH-TS-I
BNL9	4k	--I-----I-----X-----X-----	TNY--VS-I
BNL10	4k	--I-----X-----	TNY--VS-I
BNL11	4l	--I-----I-----	QHY--VS-I
BE95	5a	-----I-----	VPY--AS-I
HK2	6a	-----AI---I-----	T-----LTYG--S--
FR1	7a	-----AI-----	T-----I--K-AS-I
VN4	8a	-----XXI--X-----X-----XX-X--X-----	T-----AHYT-KS--
VN12	9a	-X-----AI---I-----X-----	T-----LNYA-KS--
NE98	10a	---I-F-----	F---LT-TAGLEY--AS--

Figure 2 - continued

		201	250
HCV-1	1a	YHVTNDCPNSSIVYEAAADAILHTPGCVPCVREGNASRCWVAMTPTVATRD	
HCV-J	1b	-----S-----M-M-----S-F-----L---L-A-N	
BNL1	1d	-----S---I---MDGM-M-Y-----D-HL---M-L---L-VKX	
BNL2	1d	--L---S---I---MSGM---A-----N-S---MXL---L-VK-	
FR2	1f	-----S-G-----K-I-----X---I-----I-----PL---L-A-I	
HC-J6	2a	-M-----T-D---TWQLQA-V--V-----EKV---T---IPVS-N--VQQ	
HC-J8	2b	-YA---S-N---TWQLT---V-L-----ENDNGTLH---IQV---N--VKh	
CH610	2c	-M-----S-----WQLEG-V-----EQI-----PVS-N--I-Q	
NE92	2d	-M-----Q-----WQLR---V--V-----EEK---I---IPVS-NI-VSQ	
BNL3	2e	-MA---S-N---WQLX---V--V-----ENSSGRFH---IPIS-NI-VSK	
FR4	2f	-MA---A-D---WQLR---V--V-----E-S---RTF---T-VS-N--VSR	
BNL4	2g	-MA---S-N---IWQMQG-V--V-----ELQ---K---IPV---N--VNQ	
BNL5	2h	-M-----S-----WQLK---V--V-----E-HQ-Q---IPV---N--VSQ	
BNL6	2i	-M-----S-----WQLEE---V--V-----EWKD-T---IPV---NI-VSQ	
HCVTR	3b	-VL---S-G-----E-V---L-----TT---Q-S---TTVST---V-T	
GB116	4c	--I-----DYH---L---L---V---Q-----L-----APY	
DK13	4d	-----TDYH---L-----K-T---SL---AQH	
CAM600	4e	--I---A---TENH---L-----T---Q-----L-----SPY	
GB809	4e	--I---A---TDNH---L-----KT---Q-----L-----SPY	
G22	4f	--L-----F---VHH---L-----T---Q-----L---L-APY	
GB549	4g	-----DHH-M-L-----T---T-----PL-----APY	
GB438	4h	-----DHH-M-L-----T---V-----IPL-----VPY	
BNL7	4k	-Y-----DHH---L-----Q-----L-----APY	
BNL8	4k	-----DHH---L-----T---Q-----L-----APY	
BNL9	4k	--I-----DHH---L-----V---Q-S-----L---I-APY	
BNL9	4k	-----DHH---AL-----V---Q-----L-----APY	
BNL10	4k	-----F---DHH---L-----K---H-----L-----APY	
BNL11	4l	-----SDHH---L-----KT---T-----L-----API	
GB724	4x	--I-----V---TDHH---L-----T---V-----TPV-----AVS	
BE95	5a	-----DNL---A-----MT---V-----QI---LSAPS	
HK2	6a	--L-----L---DAM---L---L-----VDDR-T---H-V---L-IPN	
FR1	7a	--L-----S-N---F---ETM---L-----IKA---E---LPVS---L-VPN	
VN4	8a	--L-----ETL---L-----KXX-Q-----QAS---L-VPN	
VN12	9a	--L-----NGM---L-----KT---LTK---LSAS---L-VQN	
NE98	10a	-M-----S-G-----G-I---L-----S---T-----IPVSX---VKS	

26 / 74

Figure 2 - continued

		251	300
HCV-1	1a	GKLPATQLRRHIDLLVGSATLCSALYVGDLGGSVFLVGQLFTFS PRRHWT	
HCV-J	1b	SSI-T-TI---V---A-A---M-----S-----YE-	
BNL1	1d	ASV-TXAI---V---XX-F---M---X-----A-----M-H-	
BNL2	1d	ANV-TAAI---V---T-AFR---M-----LYH-	
FR2	1f	ANA-IDEV---V---A-VF---M-I-----G-----TS-----	
HC-J6	2a	PGALTQG--T--MV-M-----G-M-AA-M-IV--QH--F	
HC-J8	2b	RGALTRS--T-V-MI-MA-A-----V--A-MILS-A-MV--Q--NF	
CH610	2c	PGTLTKG--A-V-VI-M-----V--ALMIAA-AVIA--Q--TF	
NE92	2d	PGALTQG--T--TIIA--F-----I-----A-M-AS-V-II--QH-KF	
BNL3	2e	PGALTQG--AR--AV-M-----V--A-MIAA-A-IVA-K--YF	
FR4	2f	PGALTRG--A---TI-M-----I-----A-MIAA-VAVV--QY-TF	
BNL4	2g	PGALTRG--T---TI-MV-----I--V--A-MIAA-VVIV--QH-NF	
BNL5	2h	PGALTRG--T---TI-A--V-----F--A-M--S-F-MI--QH-IF	
BNL6	2i	PGAXTKG--T---II-A--F-----	
HCVTR	3b	LGVTTASI-T-V-M---ARQ-----AF-A-----A--R---T-	
GB116	4c	VGA-LES--S-V--M--A--V-----I-----G-----M-S-Q-----	
DK13	4d	LNA-LES---V--M--G-----I--V--G-----Q-----	
CAM600	4e	AGA-LEP---V--M--A--M-----I-----GL-----M-----Q-----	
GB809	4e	VGA-LEP---V--M--A--V-----GL-----M-----Q-----	
G22	4f	LGA-LESM---V--M--T-----GI--A--M--R--L-----	
GB549	4g	VGA-LESM---V--M--A--V-----I-----G-----M-----R-----	
GB438	4h	LGA-L-SV-Q-V--M--A-----I--H--G--A--MVS-Q-----	
BNL7	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I--X-XGL-----M-S-R-----	
BNL8	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I-----GL-----M-S-R-----	
BNL9	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I-----GA-----M-S-R-----	
BNL9	4k	TAA-LES--S-V--M--A--V-----I--X--GL-----M-SXQ-----	
BNL10	4k	IGA-LES--S-V--VM--A--V-----I-----GL-----M-S-R-----	
BNL11	4l	LSA-LMSV---V--M--A--S-----GA-----M-----Q-----	
GB724	4x	VDA-LESF---V--M--A--V-----GA-----M-----Q-----	
BE95	5a	LGAVTAP---AV-Y-A-G-A-----A--AL-----M--YR--Q-A-	
HK2	6a	AST---GF---V---A-A-VV--S--I-----L--A-----Q-----	
FR1	7a	SSV-IHGF---V---A-AF---M-I-----II-----R-KY-QV	
VN4	8a	AST-V-GF-K-V-IM--A-AF---M-----GL-----LR--M-QV	
VN12	9a	ASVSIRGV-E-V---A-AF---M-----GL-----R--MYEI	
NE98	10a	PCAATAS--T-V-MM-XA-----AL--X--G-SWRH-Q---	

27/74

Figure 2 - continued

		301	319
HCV-1	1a	TQGCNCASIYPGHITGHRMA	
HCV-J	1b	V-D-----VS-----	
BNL1	1d	--E-----	
BNL2	1d	--E-----	
FR2	1f	V-D-----S-----XXX	
HC-J6	2a	V-D-----T-----	
HC-J8	2b	--E-----Q-----	
CH610	2c	V-E-----X-----	
NE92	2d	V-D-----	
BNL3	2e	V-E-----	
FR4	2f	V-E-----X-----	
BNL4	2g	S-D-----	
BNL5	2h	V-D-----	
HCVTR	3b	V-T-----VS-----	
GB116	4c	--D-----A-----V-----	
DK13	4d	--D-----T-----	
CAM600	4e	--D-----T-----	
GB809	4e	--D-----A-----	
G22	4f	--E-----T-----	
GB549	4g	--D-----D-----	
GB438	4h	--D-----V-----	
BNL7	4k	--D-----	
BNL8	4k	A-D-----	
BNL9	4k	--D-----	
BNL9	4k	--D-----	
BNL10	4k	--E-----	
BNL11	4l	V-D-----	
GB724	4x	--D-----T-----	
BE95	5a	V-N-----S-----V-----	
HK2	6a	V-D-----T-----V-----	
FR1	7a	--D-----XNX--V-----	
VN4	8a	V-E-----T-----	
VN12	9a	A-D-----A-----	
NE98	10a	V-D-----	

28 / 74

Figure 3

SEQ ID NO. 1 (BNL1, 1d)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACACCCAACCGCCGCCCTCAKGGSGTN
 NNNNNNCCGGGTGGCGGTCAAGATCGTTGGTGGAGTTACCTGTTGCCGCCAGGGGCCCTAGGNNG
 GGTGTGCGCGCGACTAGGAAGACTTCGAGCGGTCAAAACCTCGTGGCAGGCGACAGCCTATCCCC
 AAGGCTCGYCGGYCCGAGGGCAGGTCTGGGCTCAGCCCAGGTATCCTGGCCCTCTATGGCAAT
 GAGGGCTGCGGGTGGCGGGNTGGCTCCTGTCCCCCGCGGCTCGGCCAATTGGGGCCCC

SEQ ID NO. 3 (BNL1, 1d)

GACGGCGTGAACATGCAACAGGAACTTGCCCGGTTGCTCTTCTATCTTCCCTTTGGCTTTG
 CTGTCCTGCTTGACGGTTCCAACKACCGCTCACGAGGTGCGAACGCATCCGGGGTGTATCATGTC
 ACCAACGACTGTTCCAACTCGAGCATCATCTATGAGATGGACGGTATGATCATGCACTACCCAGGG
 TCGTGCCTGCGTTGGGAGGATAACCACATCTCCGCTGCTGGATGGCGCTCACCCCCACGCTTGC
 GTCAAAAYGCTAGTGTCCCCACTRCGGCAATCCGACGTCACGTCAGCTGACTTGCTTGGGGNNCC
 ACGTTCTGTTCCGCTATGTACGTGGRGACCTTGCAGGTCTGCTTCCCTGCTGGCCAGCTATT
 ACCTTTCACCCGCATGCACCATACAACGCAGGAGTGCAACTGCTCAATC

SEQ ID NO. 5 (BNL2, 1d)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACACCCAACCGCCGCCACAGGACGTC
 AAGNTCCCGGTGGTGGTCAGATCGTTGGTGGAGTTACCTGTTGCCGCCAGGGGCCCTAGGTG
 GGTGTGCGCGCGACCAGGAAGACTTCGAGCGGTGCGAGCCTCGTACAGGCGACAGCCTATTCC
 AAGGCTCGCCAGTCCGATGGCAGNNCTGGGCTCAGCCAGGGCATCCCTGGCCCTCTATGGCAAT
 GAGGGCTGCGGATGGCGGGATGGCTCCTGTCCCCCGCGGCTCTGCCAGTTGGGGCCCC

SEQ ID NO. 7 (BNL2, 1d)

GACGGCGTGAACATGCAACAGGAAATTGCCTGGTTGCTCTTCTATCTTCCCTTTAGCTTT
 CTGTCCTGCTTGACGGTTCCAACCTACCGCTCATGAGGTGCGAACGCATCCGGGGTATATCATCTC
 ACCAACGACTGTTCCAACTCGAGCATCATCTATGAGATGAGTGGTATGATCTGCACGCCAGGG
 TGTGTGCCCTGCGTTGGGAGAACAAACTCTCTCGTTGCTGGATGCCRCTCACCCCCACGCTTGC
 GTCAAAAGACGCTAATGTCCTACTGCAGGCAATCCGACGCCATGTCAGCTGCTGGTGGGACAGCC
 GCGTTCGTTCCGCTATGTACGTGGGGGACCTCTGCGGATCCGCTTCCTGTGCGGCCAGCTATT
 ACCTTTCACCCGCTTGTACCATACAACACAGGAGTGCAACTGCTCAATC

SEQ ID NO. 9 (CAM1078, 1e)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACACCCAACCGCCGCCACAGGACGTC
 AAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGTGGAGTCTACGTGCTACCGCGCAGGGGCCCTAGATTG
 GGTGTGCGCGCAGCGCGGAAGACTTCGGAGCGGTGCAACCTCGTGGGAGGGCGCCAACCTATTCC
 AAGGAGCGCCGACCCGAGGGCAGGT

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 11 (FR2, 1f)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAACGCAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTT
 AAATTCCCAGGGTGGGGGGCAGATCGTGGGTGGAGTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCAGGGTGC
 GGTGTGCGCGCAGAGGAAGACTTCCGAGCGGTGCGAACCTCGCGGAAGGC
 GACAGCCTATCCCCAAGGCTGCCGACCCGAGGGCAGGTCTGGCTCAGCCTGGGTACC
 CATGGCCCCCTCTATGCTAACGAGGGCTCGGGATGGGCGGGATGGCTCTGTCCCCCTCGCG
 GCTCCCGTCTAGCTGGGCCCCAATGACCCCCGACGTAGATCACGCAATTGGGTAAAGG
 TCATCGATAACCTAACGTGTGGCTTCGCCGATCTCATGGGTACATTCCGCTCGTGGCGC
 CCCCCTAGGGGGCCTCCAGAACCCCTGNACATGGTGTCCGGTCTGGNAGGGCGGTGATNNNN
 NNNNNNNNNNAACCTCCNGGTTGCTCTTNNTATCTTCCTCTGGCNTTACTCTTGCCTCAC
 AGTCCCCACCTCTGCCTATGAGGTGCACAGCACACCCGATGGCTACCATGTCACAAATGACTGTT
 CAACGGCAGCATCGTATATGAGGCAAAGGACATCATCCTCACACGCCCTGGGTGNGTGCCCTGCAT
 ACGGGAAGGCAATATCTCCGTTGCTGGTACCGCTACCCCCACGCTCGCAGCGCGATCGCGA
 CGCTCCCATCGATGAGGTGCGGCGTCACGTGACCTCCTCGTGGGGCGAGCCGTGTTCTGCTCAGC
 CATGTACATTGGGACCTTGTGGGGCGTCTCCTCGTGGGAATTGTTCACCTCACGTCCCC
 GCGGCATTGGACGGTGCAGGACTGTAATTGTTCCATTACTCTGGCACATAACGGGCCACCGNNN
 NNNN

SEQ ID NO. 13 (BNL3, 2e)

ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAAGAAATACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
 AAGTTCCCAGGGCGGCCAGATCGTGGCGGAGTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCAGATTG
 GGTGTGCGCGCAGGAAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCACGTGGAAGGCGCCAGCCCACCC
 AAAGATCGGNGNGCCACTGGCAGGTCTGGGACGTCCAGGATATCCCTGGCCCTGTATGGGAAC
 GAGGGGCTGGCTGGCAGGATGGCTCTGTCCCCCGAGGCTCTC

SEQ ID NO. 15 (BNL3, 2e)

ACGTGCGGNTNTGCCGACCTCATGGGTACATNCCGTTGTCGGCGCCCGGTGGCGGGGTNGC
 CAGGGCCCTCGCGNATGGCGTGCAGGGCTTGAGGACGGATAAAATTATGNAACAGGGAACCTCCC
 TGGTTGCTCTTTCTATCTCTNGGTTGGCTCTGTCTTGTCACCGTGCCTGTCTGNCGT
 TGAGGTCAAAATACCAGTCAGGCCTATATGGCAACCAACGACTGCTCAACAAACAGCATCGTATG
 GCAATTGGNGGACGCGGTGCTCATGTTCTGGATGTGTCCTGGAGAATAGCTCGGTGGTT
 CCACTGTTGGATCCCGATCTGCCAACATAGCCGTGAGCAAACCTGGGCTCTCACCAAGGGACT
 GCGGGCACGCATTGATGCCGTGATGTCCGCCACCCCTCTGCTCTGCCCTGTACGTGGGAGATGT
 GTGCGCGCAGTGTAGCTGCACAGGCTTCATCGTGGCACCGAACGCGCATTACTCGTCCA
 GGAATGCAATTGCTCCATATACCCAGGCCACATTACAGGTATCGCATGGCG

SEQ ID NO. 17 (FR4, 2f)

ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACTAAAGAACACTAACCGTCGCCACAGGAC
 GTTAAGTTCCCAGGGCGGCCAGATCGTGGCGGAGTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCAG
 GTTGGGTGTGCGCGGCCAGGAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCACGTGGAAGGCGCCAGCCC
 ATCCCAAAAGATCGGCGGCCACTGGCAAGTCTGGGACGTCCAGGATACCCCTGGCCCTGT
 ACGGGAACGAGGGCCTCGGCTGGCAGGGTGGCTCTGTCCCCCGGGCTCTGCCCTCGTG
 GGGCCCAAACGACCCCCGGCACAGGTACGCAACTGGGTAAGGTATCGATAACCTCACGTG
 TGGCTTGSCGACCTCATGGGTACATACCTGTCGTCGGCGCCCTGTGGCGGGCTGCGCAGA
 GCCCTCGCGCATGGCGTGCAGGGCTGGAGGACGGGATAAAATTATGCAACAGGGAACTTGCCCGGT
 TGCTCCTTTCTATCTCTTGCTGGCTCTGTCTTGATACCGTGCCTGTCTGCCATACAG
 GTTAAGAACAAACAGCCACTTCTACATGGCGACTAATGACTGTCGAATGACAGCATCGTCTGGCAG
 CTCAGGGACGCGGTGCTCCATGTTCTGGATGTGTCCTGTGAGAGGTCAAGGTAATAGGACCTTC
 TGTTGGACAGCGGTCTGCCAACGTTGGCTGTGAGCCGACCTGGTGTCTCACTAGAGGTCTGCGG
 GCTCACATTGATACCATCGTGTGATGTCCGCCACCCCTCTGCTCTGCCCTATACATAGGGGACCTATGC
 GCGCTGTGATGATAGCAGCGCAAGTTGCCGTGTCACCGCAATACCATACTTTGTCCAGGAA
 TGCAACTGCTCCATATACCCAGGCCATATCACAGGACATCGAATGGNN

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 19 (BNL4, 2g)

GACGGGGTAAATTATGCAACAGGGAACTGCCCCTGGTTGCTCTTCTATCTTCTTGTGGCTCTTCTGTCTTGTGTCACCGTGCCTGTCTGCCGTGCAAGGTTAAGAACACCAGTACCATGTACATGGCAACCAATGACTGTTCCAACAAACAGCATCATCTGGCAAATGCAGGGCGCGGTGCTTCATGTTCTGGATGTGTCCCCTGGTCACTAGGGCAATAAGTCCCCTGGATACCGGTCACTCCAAACGTGGCTGTGAACCAGCCCCGCGCCCTCACTAGGGCTTGCAGCACATTGACACCACATCGTGTGGCTACGCTCTGTTCTGCACTTACATCGGGACGTGTGGCGCGGTGATGATAGCTGCTCAGGGTGTGTCATTGTCTGCCGAAACATCACAACATTCCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 21 (BNL5, 2h)

ATGAGCACAAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAAGAAACACTAACCGCCGCCACAGGACGTTAAGTCCCCTGGCGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTATACTTGTGCGCGCAGGGGCCCGGTGCGGTGGCGCGACGAGGAAACTTCCGAACGGTCCCAGCCACGTGGGAGGCGCCAGGCCATCCCTAAAGATCGGCCTCCACTGGCAAATCTGGGGACGTCCAGGATAACCTTGGCCCTGTATGGAACGAGGGCCTTGGTGGCAGGATGGCTTTGTCCCCCTCGAGGCTCTC

SEQ ID NO. 23 (BNL5, 2h)

GACGGGATAAAACTACGCAACAGGGAACTGCCCCTGGTTGCTCCTTTCTATCTTCTTGTGGCTGGCCTTGCTATCCTGTCTCACTGTGCCGGCGTCCGCTGTGCAGGGTCAAGAACACCAGCCACTCTTATATGGTGACCAATGATTGCTCAAACAGCAGCATTGTCTGGCAGCTTAAGGATGCTGTGCTTCACGTCCCTGGATGTGTTCCATGTGAGAGGACACAAAATCAGTCTCGCTGCTGGATACCTGTGACACCCAAATGTGGCCGTGAGCCAACCTGGCGCGCTCACCAAGGGTTTGCAGGACACATTGACACCACATCGTGTGGCTCTGCTACCGTCTGCTCAGCTTGTATGTGGCTTCTGCGGACTCTGCGGGCAGTGTGATGTGGTCTCTCAATTTCATGATCTCCCCCTCAGCACCATCTCGTCCAGGATTGCAACTGCTCGATA

SEQ ID NO. 25 (BNL6, 2i)

GACGGGATAAAACTATGCAACAGGGAAACCTGCCCCTGGTTGCTCCTTTCTATCTTCTTACTGGCCCTGCTTTCTTGCACTACCGTGCCTCTGCCGTGCAAGTGCAGTGGTTCTTACATGGTGACCAATGATTGCTGAAACAGCAGCAGCATCGTTGGCAGCTCGAGGGAGGCGCTTCACGTCCCTGGATGTGTTCCCTGTGAGTGGAAAGGACAACACCTCCCGCTGCTGGATACCGGTACCCCTAACATCGCTGTGAGCCAACCTGGCGCGCTTACCAAGGGCCTGCGGACACATATTGACATCATTGTCGGTCCCGCCACGTTCTGCTCTGCTTGTATGTGG

SEQ ID NO. 27 (BNL7, 4k)

ATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAACGTAACACCAACCGCCGCCATGGACGTTAAGTCCCCTGGTGGCCAGATCGTTGGCGGAGTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCGAGGTTGGTGTGCGCGCGACTCGGAAGACTTCGGAGCGGGTCGCAACCTCGTGGGAGACGCCAACCTATCCCCAAGGGCGCTCGATCCGAGGGAAAGGTCTGGGCACAGCCAGGATATCCATGGCCTCTTACGGTAATGAGGGTTGCGGGTGGGCANNATGGCTTTGTCCCCCGCGGTCTC

SEQ ID NO. 29 (BNL7, 4k)

GACGGGATCAATTTCGCAACAGGGAAACCTCCCCGGTTGCTCCTTTCTATCTTCTTGTGGCACTCCTCTCGTGCCTGACTGTCCCCGCTTCGGCCATCAACTATCGCAATGTCTGGGCATTACTATGTCACCAATGATTGCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTGCACCTCCAGGTGCGTGCCTGCGTGGAGAGAGGGAAATCAGTCACGTTGCTGGGTAGCCCTACCCCTACCGTCGCAGCCATACATCGCGCGCCACTTGAGTCTACGGAGTCATGTGGACTTGTGATGGGGGGGCCGCAACTGTTGTTCAAGCCCTTACATCGGGATTTRTGTGGYGGCTTGTCCCTAGTCGGTCAGATGTTCTCTTCCGACCAAGGGGCCACTGGACTACTCAAGATTGCAATTGTTCCATC

31/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 31 (BNL8, 4k)

GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAACCTTCCCGGTTGCTCTTTCTATCTTCCTCTGGCACTC
 CTCTCGTGCCTGACTGTTCCCGCTTCGGCCATTAACACTACCGCAACACCTCGGGCATCTACCAACGTC
 ACCAATGACTGCCCGAACTCGAGCATAGTTATGAGGCCGACCACATCTGCACCTTCCAGGT
 TCGTGCCTGCGTGGAAACTGGGAATCAGTCACGTTGCTGGGTGGCCCTTACTCCTACCGTCGCA
 GCGCCATACATCGGCCACCGCTTGAGTCAGTGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGGCTGCC
 ACTGTTGCTCAGCCCTTACATCGGGGATTGTGTGGCGCTGTTCTGGTTGGTCAGATGTT
 TCTTCCGACCACGACGCCACTGGACTGCCAGGATTGCAATTGTTCTATC

SEQ ID NO. 33 (BNL9, 4k)

GACGGGATTAATTATGCAACAGGGAACTTCCCGGTTGCTCCTTTCTATCTTCCTCTGGCACTT
 CTCTCGTGCCTGACTGTCGGCCATTAACACTACCAACACCTCGGGCATCTACCATATC
 ACCAACGACTGCCCGAAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCACATCTGCATCTCCAGGT
 TCGTGCCTGCGTGGAAACTGGGAATCAGTCAGTTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCATCGCA
 GCGCCATACATCGGCCACCGCTTGAGTCAGTGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGGCTGCC
 ACTGTCAGCCCTTACATCGGGGATTGTGTGGCGCTGTTCTGGTTGGTCAGATGTT
 TCTTCCGACCACGGCGCCACTGGACCAAGATTGCAACTGCTCCATC

SEQ ID NO. 35 (BNL10, 4k)

GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAAATTCCCGGTTGCTCYTTTCTATCTTCCTYTGGCACTT
 CTCTCGTGTCTGACTGTCGGCCACTAACTATCGCAACGTCTCGGGCATCTACCATGTC
 ACCAATGACTGCCCGAAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCACATCTAGCACTTCCAGGT
 TCGTGCCTGCGTGGAAACCAAGTCACGCTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
 GCGCCATACACCAGCGGCCACTTGAGTCAGTGGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGGAGCTGCC
 ACTGTTGTTCAAGCCCTTACATCGGGGAYTTGTGTGGCGCTGTTCTGGTTGGTCAGATGTT
 TCTTYCAGCCTCGGCCACTGGACTACCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 37 (BNL11, 4k)

GACGGGATTAATTATGCAACAGGGAAAYCTCCCGGTTGCTCTTTCTATCTTCCTCTGGCACTT
 CTCTCGTGCCTGACTGTCGGCCACCAACTACCGCAATGTCTCGGGCATTTACCATGTC
 ACCAATGACTGCCCGAAATTCAAGCATAGTGTGAGGCCGACCACATCTGCACCTTCCAGGA
 TCGTGCCTGCGTGGAAAGAGGGAAATCATTACGCTGCTGGGTGGCCCTTACCCCTACCGTCGCA
 GCGCCATACATCGGCCACTTGAGTCAGTGGAGTCATGTGGATGTGATGGTGGGGCTGCC
 ACTGTTGTTCAAGCCCTTACATCGGGGATCTGTCGGTGGCTGTTCTGGTTGGTCAGATGTT
 TCTTCCGACCACGGCGCCACTGGACTACCCAGGAATGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 39 (BNL12, 41)

GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAACCTCCCGGTTGCTCTTCTATCTTCATCCTGGCACTT
 CTCTCGTGCCTGACTGTCGGCCCTCGGCTCAGCATTATCGGAATGTCTCGGGCATTTACCATGTC
 ACCAACGACTGCCCGAACTCCAGCATAGTGTATGAGTCAGGCCACATCACATCTACACCTACCAAGGG
 TGTGTACCCCTGTGTGAAGACTGGGAACACTTCGCGCTGCTGGGTGGCCTTAACACCTACCGTGGCC
 GCGCCATACCTTCGGCTCCACTTATGTCGTACGGCGGCATGTGGATCTGATGGTGGGTGCAGCT
 ACCCTATCGTCTGCCCTACGTTGGAGACCTCTGCAGGGGGCTTCTAGTGGGGCAGATGTT
 ACCTTCCAGCCCGTCCACTGGACTGTCCAAGACTGCAACTGTTCCATC

SEQ ID NO. 45 (VN13, 7a)

ATGAGCACACTCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGAAACACCAACCGTCGCCACAGGACGTC
 AAGTCCCGGGTGGCGGTCAAGATCGTTGGAGTTACTGTTGCCGCGCAGGGGCCCTGTTG
 GGTGTGCGCGCAGGAGAAAACCTCTGAACGGTCCCAGGCCAGGGTAGACGCCAACCTATACCG
 AAGGTGCGTCACCAAACGGGCCGTACCTGGGCTCAACCCGGGTACCCCTGGCCTCTTATGGGAAT
 GAGGGTTGTGGCTGGGAGGGTGGCTCTGTCCTGGGGCTCGCCCTAATTGGGGCCTAAT
 GACCCCCGGNGGAGGTCCCGAACCTGGTAAGGTCACTGATACCCCTACTTGNGGSTCGCCGAC
 CTCATAGAGTACATTCC

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 43 (VN4, 7c)

ATGAGCACACTTCAAAACCCAAAGAAAAACAAAAGAAACACCATCCGCCGCCACA
 GGACGTCAAGTCCCGGGTGGCGGCCAGATCGTGGTAGTCACTTGTGCCGCCAG
 GGGCCCGCGCTGGGTGTGCGCGCAGAGAAAGACTCTGAACGGTCCCAGCCAGAGG
 TAGGCGCCAACCAATACCCAAAGTGCGCCACAAACGGGCCGTACCTGGGCCAGCCGG
 GTACCCCTGGCCTCTTATGAAAATGAGGGCTGTGGTTGGGCAGGGCTGGCTCTGTCCCC
 CCGCGGCTCTGCCAAATTGGGGCCAAACGACCCCCGGCGAGGTCCCAGAACCTGGG
 TAAAGTCATCGACACCCCTACTTGC GGCTTCGCCGACCTCATGGGTATATCCCTGCGTAG
 GCGCTCCGWTGGGAGGGCGTCGGNGGCCTGGCGCATGGGTCAANGNCATCGAGGACGGNGTAA
 ATTACGCAACAGNGAATCTTCCGGNNCTCTNTCTATCTTNCTCTGGCACTCTCGTGCC
 TTACAACACCAGCCTCCGCGCATTATACCAACAAGTCTGGCTGTACCATTCACCAACGACT
 GCCCCAACAGCAGCATTGTTATGAGGCAGGACACTGATTTCGACTTGCCTGGGTGTGACCTT
 GTGTGAAGRTRACAATCAATCCGGTGTGGGTGCAGGCCTCCCGACCCCTGGCAGTGCAG
 CGTCTACGCCAGTCACCGGGTTCGCAAACATGTGGACATCATGGTGGCGCTGCCGTTCTGTT
 CAGCTATGTATGTGGGGACCTGTGCGGGGCCTTCCTCGTTGGACAGCTTCACGCTCAGGC
 CTCGGATGCATCAGTTGTCCAGGAGTGTAACTGTTCCATCTACACAGGGCATATCACTGGACACC
 GAATGGCA

SEQ ID NO. 47 (VN12, 7d)

ATGAGCACACTTCAAAACCCAAAGAAAAACAAAAGAAACACAAACCGTGCCTAATGGATGTC
 AAGTCCCGGGCGGCGGTCAAGATCGTGGTAGTCACTTGTACCGCGCAGGGCCACGTTTG
 GGTGTGCGCGCAGAGACTTCGGAACGGTCCCAGGCAGAGGTAGGCGCCAACCAATACCC
 AAGGTGCGCCAGAACCAAGGCCGAACCTGGCTCAGCCTGGTACCCCTGGCCCTTATGGGAAC
 GAGGGCTGCGGCTGGCGGGGGCTTGTCCCCCGTGGCTCTCGCCCGACTGGGNCCCAAT
 GACCCCGGNGAGGTCCGCAACCTGGTAAGGTCATCG
 ACACCCTCACTTGC GGCTTCGCCGACCTCATGGAGTACATCCCTGTCGTTGGGCC
 TGGAGGCGTTGCGGCGGAACTGGNACATGGTGTCAAGGGCCATCGAGGACGGGATAAAACTATGCAAC
 AGGGAAATCTTCCCTGGTTGCTTTCTATCTTCCWCTGGCACTTCTCTCGTCCTACCACGCC
 TGCCTCCCGCACTAAACTATGCTAACAAAGTCTGGCTGTATCATCTAACCAATGACTGCC
 CAGCATTGTGTATGAGGCGAATGGCATGATCCTGCATCTCCGGTTGCGTCCCCCTGCGTGAAGAC
 CGGCAACCTGACCAAGTGTGCTGCGCTCCCGACATTGGGGTGCAGAATGCGTGGTGT
 CATCAGGGGTGTCCCGGAGCACGTGGACCTCTGGTGGGTGCTGCGTCTGCTTGCCATGTA
 CGTGGCGACTTATGCGGTGGCTCTCGTTGGCAGTTGTTACGTTCAAGACCCAGGATGTA
 TGAGATCGCCCAGGACTGCAACTGTTCCATCTATGCAGGCCACATCACTGGGCACCGGATGGCG

SEQ ID NO. 41 (FR1, 9a)

ATGAGCACACTTCAAAACCCAAAGAAAAACAAAAGAAATACTAACCGTGCCTATGGAC
 GTCAAGTCCCGGGCGGCGGCCAGATCGTGGTAGTTACTTGTGCGCGCAGGGC
 CCTCGTTGGGTGTGCGCGCAGAGAAAGACCTCCGAACGGTCCCAGCCTAGAGGCAGG
 CGCCAGCCCATAACCAAGGTACGCCAGCCAGGGCGTAGCTGGGTCAACCCGGCTAC
 CCTTGGCCCTTATGGCAACGAGGGCTGCGGATGGCGGGATGGCTCTGCCCCCGC
 GGGTCTGTCCTAATTGGGCCCCAACGACCCCCCGGAAGGTCCCGCAACTGGTAAG
 GTCATCGATACCCCTACATNCGGNCTAGCCGACCTCATGGGTACATCCCTGTCCTAGGAGG
 GCCGCTTGGCGCGTTGCGGCTGCCCTGGCGATGGCTTAGGGCAATCGAGGACGGGTCAATT
 CGCAACAGGGAAATCTTCCCTGGTTGCTCTTCTATCTTCCCTAGCACTGTTATCGTGCTCAC
 TACACCAGCCTCAGCAATTCAAGTCAAGAACGCTCTGGATCTACCATCTAACATGACTGCTC
 GAACAAACAGCAGCATCGTTTGAGGGCGGAGACCATGATACTGCATCTCCAGGTGTC
 CAAGGGGGGAATGAGTCACGATGTTGGCTCCCTGTCTCCCCACCTTAGCCGTC
 AGTGCCTAACACGGGTTTCGCCGACACGTAGACCTCCTCGTTGGGCAGCGGC
 CATGTACATCGGAGACCTCTGTGGTAGCATAATCTGGTAGGGCAGCTTTACTTCAGGC
 TAA GTACCATCAGGTTACCCAGGATTGTAACTGCTCATNAACNCTGGCACGTCACGGGACACAGGAT
 GGCA

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 49 (NE98, 10a)

ATGAGCACACTCCTAAACCACAAAGAAAAACCAAAAGAAACACCAACC?CCGGCCACAGGACGTT
 AAGTCCCAGGCAGGCGGTCAAGATCGTTGGTGGAGTTACGTGCTACCACGCAGGGGCCCCAGTTG
 GGTGTGCGTGCAGTGCAGCAAGACTTCCGAGCGGTGCAACCTCGCAGTAGGCGCAACCCATCCCC
 AGGGCGCGCCGAACCGAGGGCAGGGTCTGGGCTCAGCCCAGGGTACCCCTGGCCCTATATGGGAAT
 GAGGGCTGCAGGGTGGGCTCAGGGTGGCTCCTGTCCCCGCGCGGTCTC

SEQ ID NO. 51 (NE98, 10a)

GACGGAATTAATTGCGAACAGGGAAATTACCTGGTTGCTCTTCTCTATCTTCCTCTGGCTTTG
 TTCTCATGCTTGCTTACACCCACAGCCGGCTGGAGTACCGTAATGCCTCCGGACTCTACATGGTA
 ACTAACGACTGCAGTAACGGTAGTATCGTGTATGAGGCCGGGATATTATCCTCCACTTACCTGGC
 TGTGTCCCCCTGCGTACGCTCTGGCAATACATCAAGATGCTGGATCCCTGTGAGGCCCYACCGTCGCC
 GTGAAGTCGCCCTGCGCCGCCACCGCTCTCCGCACGCACGGATATGATGGTGGGRGCGGCC
 ACCCTATGCTCAGCTCTACGTAGGAGACCTTGTGGAGCGCTATTCTGTGTYGGCAGGGGTT
 TCATGGAGACATGCCAGCATTGGACTGTCCAGGACTGCAACTGTTCCATC

SEQ ID NO. 53 (BNL1, 1d)

CTCGACAGTTACTGAGAACGACATCCGTGTCGAGGAATCAATATACCAATGTTGTGACTTGGCCCC
 CGAGGCTCGCAAGGCCATAAAAGTCGCTCACCGAGCGGCTGTACATCGGGGGCCCYCTAACCAATT
AAAAGGACAGAACTGCGGCTACCGTCGGTGCCGCCAGCGCGTGTGACTACCAGCTGCGGCAA
 CACCCCTGACATGCTACTTGAAAGCCAGAGCGGCCCTGTGAGCTGCAAAGCTCCGGACTGCACCAT
 GCTCGTGTGCGGGGATGACCTTGTGTTATCTGTGAGAGTGCAGGGAGTCGAGGAAGACGCGGCCAA
 CCTACGAGCT

SEQ ID NO. 55 (BNL2, 1d)

CTCGACAGTTACTGAGAACGACATCCGTACCGAGGRATCAATCTATCAATGTTGTGACTTGGCCCC
 YGAGGCCCGCAAGGCCATAAAAGTCGCTCACCGAGCGGCTGTACGTGGGGGCCCCCTAACCAATT
AAAGGGGCAGAACTGCGGCTATCGTCGGTGCGCTAGCGCGTGTGACTACCAGCTGCGGCAA
 CACCCCTCACATGCTACTTGAAAGCCAGGGCGGCCCTGTGAGCTGCAAAGCTCCAGGACTGCACGAT
 GCTCGTGTGCGGAGACGACCTTGTGTTATCTGTGAGAGTGCAGGGAGTCGAGGAGGACGCGGCCAA
 CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 57 (FR17, 1d)

CTCGACAGTTACTGAGAACGACATTGCGTGTGAGGAATCAATCTACAGTGCTGTGACTTGGCCCC
 CGAGGCCCGCAAGGCCATAAAAGTCGCTCACCGAGCGGCTGTATATCGGGGGCTAACCAACTC
AAAAGGGCAGAACTGCGGCTACCGTCGGTGCCGCCAGCGCGTGTGACTACCAGCTGCGGTA
 TACCCCTCACATGTTACTTGAAAGCCAGGGCGGCCCTGTGAGCTGCGAAGCTCCAGGACTGCACAAAT
 GCTCGTGTGCGGAGACGACCTTGTGTTATCTGTGAGAGTGCAGGGAGTCGAGGAGGATGCAGGGCAA
 CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 59 (CAM1078, 1e)

CGTACAGCCTCCAGGACCCCCCCTCCGGAGAGCCATAGTGGCTGCGGAACCGGTGAG
 TACACCGGAATTGCCAGGACGACCGGGTCTTCTGGATCAACCCGCTCAATGCCTGGA
 GATTGGCGTGCCCCCGCAAGACTGCTAGCCGAGTAGTGTGGGTGCGAAAGGCCTTG
 TGGTACTGCTGATAGGGTGCTGCGAGTGCCCCGGAGGTCTGCTAGACCGTGCACCAT
 GAGCACGAATCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAAGAACACCAACCGCCGCCACAGGA
 CGTCAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTGGTGGAGTCTACGTGCTACCGCGCAGGGG
 CCCTAGATTGGGTGTGCGCGCAGCGCGAAGACTCGGAGCGGTGCAACCTCGTGGGAG
 GCGCCAACCTATTCCCAAGGAGCGCCGACCCGAGGGCAGGTCTGGCGCAGCCGGGTA
 CCCCTGGCCCTCTATGGTAACGAGGGCTGCGGGTGGCAGGTNGGCTCTGTCCCCCTCG
 CGGCTCCCGTCTAGTTGGGTCTACTGACCCCCGGCGTAGGTACGCAATTGGGTAA
 GGTCACTCGATACCTCACGTGTTGCCGACCTCATGGGTACATACCG

34 / 74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 61 (CAM1078, 1e)

CTCAACGGTCACTGAAGCTGATATCCGAACAGAGGAGTCCATATACCAATGCTGTGACCTGCACCC
 CGAACGACGTGTAGCCATCAAGTCTTGACTGAAAGGCTGTACGTGGGGGCCCTTGACCAATT
 AAAAGGGAGAACTGCGGCTATCGCAGATGCCGTGCCAGCGCGTCTGACAACCAGCTGCGGCAA
 CACCCTCACCTGCTATATCAAGGCCCTAGCAGCCTGTAGAGCTGCCAAGCTCCAGGACTGCACCAT
 GCTCGTCTGTGGCGACGACCTGGTCGTATCGCAGAGGTAGAGGACCCAGGAGGATGCGGCGAG
 CCTGCGAGCC

SEQ ID NO. 63 (FR2, 1f)

NTCAACAGTCACTGAGAGTGTGATATCCGTACAGAGGAGTCCATCTACCAATGCTGTGATCTAGACCC
 CGAGGCTCGCAAGGCCATAAGGTCCCTCACAGAGGCTTATATCGGGGGTCCCTGACAAACTC
 AAAAGGGCAGAACTGCGGCTACCGCCGATGCCGTGCAAGCGCGTCTGACGACTAGCTGCGGCAA
 CACCCTCACCTGTTACATAAAGGCCAGGGCAGCCTGTCGAGCTGCGAAGCTCCAGGATTGCTCAAT
 GCTCGTCTGTGGCGACGACCTGGTCGTATCGCAGAGATCGAGGGGNTCCANGAGGATCCGTCGAN
 NNNNNNNNNNN

SEQ ID NO. 65 (FR16, 1g)

CGTAGACCGTGCACCATGAGCACGAATCCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACATC
 AACCGCCGCCACAGGACGTCAAGTTCCGGGGGTGGCCAGATCGTGGTGGAGTTAC
 CTGTTGCCGCGCAGGGGCCCTAGATTGGGTGTGCGCGCAGACTAGGAAGACTTCCGAGCGG
 TCGAACCTCGTGGGAGGCAGACGCTATCCCCAAGGCTCGCGATCCGAGGGCAGGTCC
 TGGGCTCAGCCCAGGGTACCCCTGGCCCTCTATGGCAATGAGGGCATGGGTTGGCAGGG
 TGGCTCCTGTCCTGGGAGGTACCGCTACATGCGTACCGCTCACATGCGGCTTCGCGACCTCATGGGG
 TACATTCCGCTCGTCGGCGCCCCCTAGGGGGCGTTGCCAGGGCCCTGGCGCAAGGCTTC
 CGGGATCTACACGTACCAACGATTGTTCAAATGGGAGCATTGTTGATGAGGCAGGAAGG
 CATGATCATGCATCTCCCGGGTGCCTGCGTGGGAAGGTAATATCTCGTTG
 CTGGGTACCGTTTCCCTACGCTCGCAGGAATGCTAGCGTCCCCACTCAGGCAAT
 TCGCGACACGTCGACTGCTTGGGCGGCCACACTCTGCTATGTATGTGGG
 GGACCTCTGTTGGTCCGTCTCCTCGTCGGCCAAGTGTACCTCACAWCCCAGNA
 CTACACAGTGCAGACTGCAATTGTTCCATCTACCCGGCCATATAACGGG

SEQ ID NO. 67 (FR16, 1g)

NNNNNNNGTCACTGAGAGTGTGATATCCGTGTCGAGGARTCAATTACCAATGCTGTGACCTGGCCCC
 CGAGGCTCGCGTAGCCATAAAAGTCGCTCACTGAGCGGCTATATGTCGGGGGCCCTCTCACCAACTC
 AAAAGGACAGAACTGCGGCTATCGCCGGTGCCTGCGAGCGGTGTGCTGACTACTAGCTGCGGTAA
 CACCCTCACATGCTACCTGAAAGCCGCCGCGGCCCTGTCGAGCTGCAAAGCTCCGGGAATGCACAAAT
 GCTCGTGTGGCGACGACCTCGTGTATCTGAGAGTGCAGGGGTCCAGGAGGATGCTGCAAG
 CCTNNNNNNNN

SEQ ID NO. 69 (BNL3, 2e)

CTCGACAGTCACAGAGAGAGATAAGNACTGAGGAGTCCATATACCAAGGCTTGTCTACCGA
 GCAGGCCAGAACTGCCATACACTCATGACTGAGAGACTCTACGTAGGAGGGCCATGATGAACAG
 CAAAGGGCAATCCTGCGGATACAGGCATTGCCGCGCCAGCGGAGTGCTCACCAACAGTATGGGGAA
 TACCATCACGTGCTACATCAAGGCCCTAGCGGCTTGTAAAGCAGCAGGAATAGTGGCCCCACCAT
 GCTGGTGTGGCGACGACCTAGTTGTACATCTCAGAGAGTCAGGGAGTCGAGGAGGACGACCGGAA
 CCTGANNNNNN

35 / 74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 71 (FR4, 2f)

CTCAACCGTCACAGAGAGGGATATAAGAACTGAGGAGTCCATATACCTGGCCTGCTCCTTACCGA
 GCAGGGCCGGACTGCCATACATTCACTAACTGAGAGACTTACGTGGGAGGGCCATGATGAACAG
 CAAAGGGCAGTCCTGCGGATACAGGCCTGCGCTAGCGGAGTGCTCACCAACCAGTATGGGAA
 CACCATCACGTGTTATGTGAAAGCCCTCGCAGCTGTGAAAGCTGCGGGCATTGTTGCCACGAT
 GCTGGTGTGCGGCGATGACCTGGTGTATCTCAGAGAGTCAGGGGCTGAGGAGGACGAGCGAAA
 CCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 73 (BNL5, 2h)

CTCAACAGTCGCGGAGAGAGACATCAGGACCGAGGAGTCCATTACCTGCCTGCTCCTTACCGA
 GCAAGCCCAGACTGCCATACATTCACTGACTGAGAGACTTACGTAGGAGGGCCATGATGAACAG
 CAAGGGCAGTCCTGCGGTTACAGACGTTGCCGCCAGCGGAGTGCTCACCAACCAGCATGGGAA
 TACCATCACATGCTATGTGAAAGGCATTAGCTGCCTGCAAAGCTGCAGGCATGTTGCTCCCACGAT
 GCTGGTTTGTGGCGACGATCTGGTCATCATCTCAGAGAGTCAGGGAACCGAGGAGGATGAGCGGAA
 CCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 75 (FR13, 2k)

CGNACANCCTCCAGGCCCCCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAG
 TACACCAGGAATTGCCGGGAAGACTGGGTCTTCTTGATAAAACCCACTCTATGCCCGGC
 CATTGGCGTGCCCCCGCAAGACTGCTARCCGAGTAGCGTTGGGTGCGAAAGGCCTTG
 TGGTACTGCCTGATAGGGTGCCTTGCAGTGCCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCATCAT
 GAGCACAAATCTAAACCTCAAAGAAAACCAAAAGAAACACTAACCGCCGCCACAGGA
 CGTTAAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTGGCGGAGTATACTGTTGCCNTGCAGGGG
 NCCCAGGTNGNGTNTATGCGCAACGANGAAGACTNCCGAACAGTCCCAGCCACGTGGGAG
 GCGCCAGCCCATCCCAGAAAGATCGGNGCACCCTGGCAAGTCCTGGGGACGTCCAGGATA
 TCCCTGGCCCCCTGTATGGGAACGAGGGCCTGGGTGGCAGGGTGGCTCTGTCCCCCG
 GGGCTCCCAGCCGTATGGGGCCCCACGGACCCCCGGCATAGGTCGCGCAACTGGGTAA
 GGTATCGATAACCCTCACGTNCGGCTTNCCGACCTCATGGGTACATTCCCGTGTGG
 CGCCCCAGTAGGNGGCGTCGCCAGAGCTCGCGCATGGCGTGAGAGTCCTGGAGGACGG
 GATAAACTATGAAACAGGGAACCTCCCCGGTGTCTTTCTATCTCCCTCTGCTCT
 TCTGTCCTGAATTACCGNGCCAGTTCTGCTGTGGAAATCAAAACACCAGMAACACATA
 CATGGTACTAACGACTGTTCAAACAGYAGCATCACCTGGCAGCTNNNNNGNCGGTGCT
 TCACGTTCTGGATGCGTCCCCCTGTGAACGAGAGGGCAACAGTTCCCGGTGCTGGATTCC
 AGTCACGCCCRACGTAKNCGTGAGCCGACCTGGTGCCTAACCGAGGGTTGCGATCGCA
 CATCGACACCACATCGTAGCGTCCGCAACATTTGTTCTGCCCTCTACATAGGGGATGTATG
 TGGCGCGATAATGATAGCTGCCAAGTGGTCATCGTCTGCCGGAGCATCATCACTTGT
 CCAGGACTGTAACTGTTCCATCACCGGGCACATAACGGGGCTCGTATGTNG

SEQ ID NO. 77 (FR13, 2k)

ATCCACAGTCACTGAAAGAGACATCAGAGTTGAAGAGTCCTGTTATCTGTCCTGTTCACTTCCGA
 GGAGGGCCCGAGCTGCCATACACTCACTAACTGAGAGGCTGTACGTGGGAGGTCCATGCAAGAACAG
 CAAGGGCAATCCTGCGGATACAGGCCTGCGGCCAGCGGGGTGCTCACCAACTAGCATGGGAA
 TACTCTCACATGCTACTTGAAGGCCAGGGCGCTGCAGGGCCCGGGCATTGTTGCAACCAACAAT
 GCTGGTGTGGCGACGACCTGGTCGTATCTCAGAGAGTCAGGGGACTGAGAGGGACGAGAACAA
 CCTGAGACCT

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 79 (FR18, 21)

CTCAACAGTCACGGAGAGGGACATCAGGAATGAGGAGTCCATATTCCTGGCCTGCTCGTTGCCCGA
 GGAGGCCCCGGAAGTGTCAATACATTGCTCACTGAGAGACTCTACATAGGCGGGCCGATGATGAACAG
 CAAAGGCCAGTCCTGTGGATACAGGGCGTTGTCGCCAGCGGGGTGTTACCACTAGCATGGCAA
 TACCATCACGTGCTATGTGAAAGCCATGGCAGCTTGCAGAGCTGCCGGGATTGACGCCA
 GTTGGTATGTGGCGACGACCTGGTGGTCATCTCAGAGAGTCAGGGGACCGAGGAGCAGCGAAA
 TCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 81 (PAK64, 3g)

CTCTTGACTCTACTGTCACTGAACAGGGATATCAGGGTAGAAGAAGAAATATACCAATGTTGTGACC
 TTGAGCCGGAGGCTAGACGGGCAATCAAATCGCTCACGGAACGGCTTACGTTGGAGGTCCCATGT
 TCAACAGCAAGGGCTCAAATCGGGATATGCCGTTGCCGTCTAGCGGTGATTGCCCACTAGCT
 ACGGTAAATACAATCACCTGCTACATCAAGGCCAGAGCGGCTGCTCGAGCTGCAGGGCCTCAAGACC
 CATCATTCTGTCTGGAGATGATTGGTGGTAGTGGCTGAGAGACTGCGKCGTTGATGAGGAGG
 ATAGGGCAGC

SEQ ID NO. 83 (BNL8, 4k)

CTCCACTGTAACCGAAAAGGACATCAGGCCCGAGGAAGAGGTCTATCAGTGGTGTGACCTGGAGCC
 CGAAGCTCGCAAGGTTATTACCGCCCTCACAGAAAGACTCTACGTGGCGGCCATGCACAACAG
 CAAGGGAGACCTTGTGGGTATCGGAGATGCCGCGCAAGCGGCGTCTACACGACCAGCTCGAAA
 CACACTGACGTGCTACCTCAAAGCCTCAGCTGCTATTAGAGCGGCAGGGCTGAGAGACTGCACCAT
 GCTGGTTTGCAGGTGACGACTTGGTCGTATGCCGAGAGCGATGGCGTAGAGGAGGATAACCGAGC
 CCTCCNAGCC

SEQ ID NO. 85 (BNL12, 41)

CTCCACGGTGAACGAAAAGGACATCAGGGTCGAGGAAGAGATCTATCAATGTTGTGACCTGGARCC
 CGAAGCCCGCAAAGCAATATCCGCCCTCACAGAGAGRCTACTTGGCGGCCATGTATAACAG
 CAAAGGGGAGCTCTGCCGTATCGGAGGTGCCGCGAGCGGAGTGTACACCACAAGTTCGGGAA
 CACAGTGACCTGCTATCTTAAGGCCACCGCAGCTACCAAGGGCTGCAGGCCAAAAGACTGCACCAT
 GCTGGTCTGCCGTGACGACTTGGTCGTATGCCGAGAGCGAGGGCGTAGAGGAGGATTCCCAACC
 CCTCCGAGCC

SEQ ID NO. 87 (EG81, 4m)

CTCCACCGTAACCGAAAAGGACATCAGGGTCGAGGAGGGAGGTCTATCAGTGGTGTGATCTGGAGCC
 AGAGGCCCGCAAAGCAATATCCGCCCTCACGGAGAGACTCTATGTTGGCGGCCATGTTAACAG
 CAAGGGAGACCTATGTGGCTACCGCAGGTGCCGCGCAAGCGGCGTCTACACCACAGCTCGGGAA
 CACACTGACCTGCTACCTCAAAGGCCACGGCGCTACCAAGAGCGGCCGCCGTGAAGGATTGCACAAT
 GCTGGTTTGCAGGTGACGACCTGGTCGTATGCCGAGAGCGATGGCGTAGAGGAGGACCGCCGAGC
 CCTCCAAAGCT

SEQ ID NO. 89 (VN13, 7a)

CTCAACAGTCACAGAGCGCGATGTCCAGACGGAGCATGACATCTACCAAGTGCTGTAAGTTGGAGCC
 CGCAGCACGGACAGCCATCACATCGCTACTGACCGATTGTACTNCGGTGGTCCCAGTNTAACTC
 TAAAGGTAGGCATGTGGATACCGTAGGTGCAGGGCCAGTGGCGTCTTGACCAACATCCTGCCAA
 TACTCTGACTTGCTACTTGAAAGCTCAGGCAGGCATGCAGAGCTGCCGGGCTGAAGGACTTTGACAT
 GTTGGTCTGCCGTGAGACGACCTTGTGTTATTCGGAGAGTTGGGGGTCTCGGAGGACACTAGTGC
 ACTGCGAGCT

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 91 (VN4, 7c)

CTCGACAGTCACCGAGCGCGACATCCRCACCGAGCACGACATCTACCAATGCTGCCAACTTGACCC
 GGTGGCACGCAAGGCTATTACATCTCTGACTGAGCGGCTGTACTGCGGWGGGCCATGATGAACTC
 CCGTGGTCAATCATGTGGATACCGTAGGTGCCGAGCCAGTGGCGTGTACCCAGAGCTTGGCAA
 TACCCCTAACATGCTATTGAAAGCACAAGCAGCGTGTAGGGCAGCAAAGCTAAAAACTATGACAT
 GTTAGTCTGCGGAGACGATCTAGTCGTATCGCGGAGAGTGGAGGAGTCTGTGAGGATGTTGACGC
 CCTGCGAGCA

SEQ ID NO. 93 (VN12, 7d)

CTCCTCCGTACGGAGCGTGACATCCGCACTGAACACGACATCTATCAGTGCTGCCAATTAGATCC
 GGTAGCACGGAAAGCCATTACATCTCTACTGAGCGGCTGTACTGCGGCCGCCATGTAACACTC
 TCGAGGGTCAAGTCATGTGGGTACCGCAGGTGCCGGCTAGTGGTGTCTCACCACAAGCTTGGCAA
 CACCATGACATGCTACCTGAAGGCTCAGGCAGGCTTGTAGGGCAGCRAAGCTAAAAACTTGTACAT
 GTTGGTCTGCGGAGACGACCTAGTCGTATTGCTGAGAGCGGAGGAGTCCCTGAGGATGCCGGGGC
 CCTGCGAGTC

SEQ ID NO. 95 (FR1, 9a)

ATCCACAGTCACGGGGCGCGACATACGGCACAGAACNAGACATTTACCTGTCCCTGCCAGCTCGACCC
 AGAGGCCCGGAAAGCCATAAAGTCTCTCACTGAGAGGCTCTATGTCGGGGCCCTATGTAACACTC
 AAAGGGCCAACCTCTGTGGTCAACGCCGATGCCGAGCAAGCGGAGTACTCCCCACAAGCATGGTAA
 CACCATCACATGCTTCTGAAGGCAACCGCCGCTTGCCGAGCAGCCGGCTTACAGATTATGACAT
 GTTGGTCTGCGGAGACGATTGGTTGTCGTAAGTGGAGTGTGCTGGAGTCACGAGGATATCGCTAA
 CCTGCGAGCC

SEQ ID NO. 97 (NE98, 10a)

CTCCACTGTCACTGAGCAGGACATCAGGGTAGAACACTTCCATCTTCAGGCCTGTGACCTCAAGGA
 CGAGGCTAGGAGGGTGATAACTCACTCACGGAGCGGCTTACTGTGGTGGTCCTATGTTCAACAG
 CAAGGGACAACACTGCGGTACCGCCGCTGCCGTGCTAGTGGGGTGTACCCACCAAGCTCAGGAA
 CACAATCACCTGTTACATCAAAGCAAAGCAGCTACCAAAGCTGCCGAATTAAAATCCATCATT
 CCTTGTCTGCGGAGATGACTGGTCGTGATTGCTGAGAGTGCAGGGATCGATGAGGACAAGAGCGC
 CTTGAGAGCT

SEQ ID NO. 99 (FR14, 11a)

CTCTACCGTCACAGAGAGGGACATACGGACAGAACAGAACATCTATCTGTCTTGTCAATTGCCTGA
 AGAGGCCCGGAAAGCCATAAATCGCTGACAGAGAGACTATACGTGGGCCGCCGATGGAAAACAG
 CAAGGGCCAGGCTTGCGGATATAGGCGTTGCCCGCAAGCGGGGTATTCAACCACAAGCTTGGGGAA
 CACCATGACTTGTACATCAAAGCTAAAGCGGCTTGTAAAGCCGCTGGCATTGTAGACCCGGTGAT
 GCTCGTGTGCGGTGACGACCTAGTGGTCATCTCAGAAAGCAAGGGGGTGGAGGAGGACAGCGGGA
 CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 101 (FR15, 11a)

CTCCACTGTCACTGAGAGAGACATACGGACAGAACAGAACATCTAYYTGGCTTGTCAATTGCCCGA
 AGAGGCCCGGAAAGCCATAAATCACTGACAGAGAGACTATACGTGGGCCGCCGATGGAAAACAG
 CAAAGGGCCAGGCTGCGGATATAGGCGTTGCCCGCAAGCGGGGTATTCAACCACAAGCTTGGGGAA
 CACCATGACTTGTACATCAAAGGCCAARGCAGCTGTAAAGCYGCTGGCATTGTGACCCGGTGAT
 GCTCGTGTGCGGCGACGACCTAGTGGTCATCTCAGAGAGCAAGGGGGTAGAGGGAGGACAGCGAGA
 CCTAC

Figure 3 - continued

38 / 74

SEQ ID NO. 103 (FR19, 11a)

CGTACAGCCTCCAGGACCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAGTACACC
 GGAATTGCCGGAAAGACTGGGCTTCTTGGATTAACCCACTCTATGCCCGAGATTTGGCGTG
 CCCCCGCAAGACTGCTAGCCGAGTAGCGTTGGGTTGCGAAAGGCCTGTGGTACTGCCTGATAGGG
 TGCTTGCAGTGCCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGACCATGAGCACGAATCTAAACCTCAAAG
 ACAAAACAAAAGAAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTTAAGTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGT
 TGGCGGGGTGTACTTGTGCGCGCAGGGGCCAGAGTGGGTGTGCGCGACGAGAAAGACCTC
 GGAGCGGTCCCAGCCGCGTGGGAGGCGCCAACCTATCCCCAAGGTAGGCGCACCAACCGGCCGT

SEQ ID NO. 105 (FR19, 11a)

CTCTACTGTCACAGAGAGGGATATACGAACAGAGGAATCCATYTATCTGGCTTGTCAATTGCCCGA
 AGAGGCCCGGAAGGCCATCAAATCACTGACAGAGAGACTATACGTGGCGGCCGATGGAAAACAG
 CAAGGGCCAGGCCTGCGGATACAGGCCTGCGCGCAAGCGGGTATTCAACCACAAGCTGGGGAA
 CACCATGACTTGTACATCAAAGCCAAGGCCTGAAAGCCGCTGGATTGTTGACCCAGTGAT
 GCTCGTGTGCGGCACGACCTAGTGGTCATCTCAGAAAGCAAGGGGTGGAGGAGGACCAACGAGA
 CCTACGANTC

SEQ ID NO. 2 (BNL1, 1d)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPXXXXPGGGQIVGGVYLLPRRGPRXGVRATRKT SERSQPRGRRQPIP
 KAXRXEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAXWLLSPRGSRPNWGP

SEQ ID NO. 4 (BNL1, 1d)

DGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPTAHEVRNASGVYHVTNDCSNSSIIYEMDGMIMHYPG
 CVPCVREDNHLCWMAILTPTLAVKXASVPTXAIRRHDLLVGXXTFCSAMVXDLCGSVFLAGQLF
 TFSPRMHHTQECNCI

SEQ ID NO. 6 (BNL2, 1d)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVXPXPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKT SERSQPRDRRQPIP
 KARQSDGXXWAQPGHPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGP

SEQ ID NO. 8 (BNL2, 1d)

DGVNYATGNLPGCSFSIFLLAFLSCLTVPTTAHEVRNASGVYHLTNDCSNSSIIYEMSGMILHAPG
 CVPCVRENNSSRCWMXLPTLAVKDANVPTAAIRRHDLLVGTAAFRSAMVGDLCGSVFLVGQLF
 TFSPLYHTTQECNCI

SEQ ID NO. 10 (CAM1078, 1e)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLPRRGPRLGVR AARKTSERSQPRGRRQPIP
 KERRPEGR

SEQ ID NO. 12 (FR2, 1f)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKT SERSQPRGRRQPIP
 KARRPEGRSWAQPGYPWPLYANEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRRRSRNLGKVIDTLCGFAD
 LMGYIPLVGAPILGGASRTLXHGVRLXGGVXXXXNLXGCSXXIFLLXLLSCLTVPT SAYEVHSTT
 DGYHVTNDCSNGSIVYEAKDIILHTPGXVPCIREGNISRCWVPLTPTLAARIANAPIDEVRHVDL
 LVGAAVFCSAMVIGDLCGGVFLVQQLFTFTSRRHWT
 VQDCNCISIYSGHITGHXXX

SEQ ID NO. 14 (BNL3, 2e)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKT SERSQPRGRRQPIP
 KDRXATGRSWGRPGYPWPLYGNEGGLGAGWLLSPRGSRPSWG

SEQ ID NO. 16 (BNL3, 2e)

TCXXADLMGYXPVVGAPVGGXARALAXGVRVLEDGINYXTGNLPGCSFSIFXLALLSCVTVPVSXV
 EVKNTSQAYMATNDCSNNSIVWQLXDAVLHVPGCVPCENSSGRFHCIPIISPNIAVSKPGALTKG
 RARIDAVVMSATLCSALYVGDVCGAVMIAAQAFIVAPKRHYFVQECNCISIYPGHITGHRMA

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 18 (FR4, 2f)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRAPRKTSERSQPRGRQPIP
 KDRRATGKSWGRPGYPWPLYGNEGLGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRHRSRNLGKVIDTLCGFXD
 LMGYIPVVGAPVGGVARALAHGVRVLEDGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVSAIQVKNN
 HFYMATNDCANDSIVWQLRDAVLHVPGCVCERSGNRTFCWTAVSPNVAVSRPGALTRGLRAHIDT
 IVMSATLCSALYIGDLCGAVMIAAQVAVVSPQYHTFVQECNCASIYPGHITGHRMX

SEQ ID NO. 20 (BNL4, 2g)

DGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVSAVQVKNTSTMATNDCSNNSIIWQMGAVLHVP
 CVPCELQGNKSRCWIPTPNVAVNQPGALTRGLRTHIDTIVMVATLCSALYIGDVCVGAVMIAAQVV
 IVSPQHNFSQDCNCASI

SEQ ID NO. 22 (BNL5, 2h)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGRSLAEYTCARRGKLRRSSMG

SEQ ID NO. 24 (BNL5, 2h)

DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVPAVQVKNTSHSYMVTNDCSNNSIVWQLKDAVLHVP
 CVPCERHQNQSRCWIPTPNVAVSQPGALTRGLRTHIDTIVASATVCSALYVGDFCGAVMLVSQFF
 MISPOHHIFVQDCNCASI

SEQ ID NO. 26 (BNL6, 2i)

DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVSAVQVANRSGSYMVTNDCSNNSIVWQLEEAVLHVP
 CVPCEWKDNTSRCWIPTPNIAVSQPGAXTKGLRTHIDTIVASATFCASALY

SEQ ID NO. 28 (BNL7, 4k)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPMDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRQPIP
 KARRSEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAXWLLSPRGSRPSWGPNDPRRRSR

SEQ ID NO. 30 (BNL7, 4k)

DGINFATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVPAVINYRNVSGIYYVTNDCPNSSIVYEADHHILHLP
 CVPCVREGNQSRCWVALPTVAAAPYIGAPLESRLSHVDLVMGAATVCSALYIGDXCXGLFLVGQMF
 SFRPRRHWTQDCNCASI

SEQ ID NO. 32 (BNL8, 4k)

DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVPAVINYRNNTSGIYHVTNDCPNSSIVYEADHHILHLP
 CVPCVRTGNQSRCWVALPTVAAAPYIGAPLESRLSHVDLVMGAATVCSALYIGDLCGGLFLVGQMF
 SFRPRRHWTQDCNCASI

SEQ ID NO. 34 (BNL9, 4k)

DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITVPVPAVINYHNTSGIYHITNDCPNSSIVYEADHHILHLP
 CVPCVRVGNQSRCWVALPTIAAPYIGAPLESRLSHVDLVMGAATVCSALYIGDLCGGAFLVGQMF
 SFRPRRHWTQDCNCASI

SEQ ID NO. 36 (BNL10, 4k)

DGINYATGNI PG CXFSI FLX ALLS CLTV PASATNYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVYEADHHILALPG
 CVP CV RVGNQ SRCW VALPTV A APYIGAPLESRLSHVDLVMGAATVCSALYIGXL CGGLFLVGQMF
 SXQPRRHWTQDCNCASI

SEQ ID NO. 38 (BNL11, 4k)

DGINYATGXLPGCSFSIFLLALLSCITVPASATNYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVFEADHHILHLP
 CVP CV KEG NH SRCW VALPTV A APYIGAPLESRLSHVDVMVGAATVCSALYIGDLCGGLFLVGQMF
 SFRPRRHWTQECNCASI

SEQ ID NO. 40 (BNL12, 4l)

DGINYATGNLPGCSFSIFILALLSCITVPASAQHYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVYESDHILHLP
 CVP CV KT GNT SRCW VALPTV A APILSA PLMS VRRHVDLVMGAATLSSALYVGDL CGGAFLVGQMF
 TFQPRRHWTVQDCNCASI

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 46 (VN13, 7a)

```
MSTLPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESQPRGRQQPIP
KVRHQTGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPNWGPNDPRRSRNLGKVIDTLTCGFAD
LIEYI
```

SEQ ID NO. 44 (VN4, 7c)

```
MSTLPKPQRKTKRNTIRRPMQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESQPRGRQQPIP
KVRHQTGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPNWGPNDPRRSRNLGKVIDTLTCGFAD
LMGYIPVVGAPXGGVAXALAHGVXXIEDXVNYATXNLPXXSXSISSLALLSCLTPASAAYTNKS
GLYHLTNDCPNSSIVYEAEETLILHLPGVPCVKXXNQSRCWVQASPTLAVPNASTPVTGFRKHVDI
MVGAAAFCSAMYVGDLCGGLFLVGQLFTLPRMHQVQECNCISIYTGHITGHRMA
```

SEQ ID NO. 48 (VN12, 7d)

```
MSTLPKPQRKTKRNTNRRPMDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESQARGRRQQPIP
KVRQNQGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSPRDWXPNPDRXRSRNLGKVIDTLTCGFAD
LMEYIPVVGAPLGGVAAELXHGVRRAIEDGINYATGNLPGCSFSIFXLLALLSCLTPASAANYANKS
GLYHLTNDCPNSIVYEANGMILHLPGVPCVKTGNLTKCWL SASPTLAVQNASVSIRGVREHVDL
LVGAAAFCSAMYVGDLCGGLFLVGQLFTFRPRMYEIAQDCNCISIYAGHITGHRMA
```

SEQ ID NO. 42 (FR1, 9a)

```
MSTLPKPQRKTKRNTNRRPMDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSESQPRGRQQPIP
KVRQPTGRSWGQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSPNWPNDPRRSRNLGKVIDTLTXLAD
LMGYIPVLLGGPLGGVAAALAHGVRAIEDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTPASAIVQKNAS
GIYHLTNDCSNNISIVFEAETMILHLPGVPCIKAGNESRCWL PVSPTLAVPNSSVPIHGFRRHVDL
LVGAAAFCSAMYIGDLCGSIILVGQLFTFRPKYHQVTQDCNCSXNXGHVTGHRMA
```

SEQ ID NO. 50 (NE98, 10a)

```
MSTLPKPQRKTKRNTNXRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLPRRGPQLGVRAVRKTSESQPRSRRQQPIP
RARRTEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSPSWGPNDPRRR
```

SEQ ID NO. 52 (NE98, 10a)

```
DGINFATGNLPGCSFSIFLLALFSCLLTPTAGLEYRNASGLYMTNDCSNGSIVYEAGDIILHLP
CVPCVRSNTSRCWIPVSXTVAVKSPCAATASLRTHVDMMVXAATLCSALYVGDLGALFLXGQGF
SWRHRQHWTVQDCNCISI
```

SEQ ID NO. 54 (BNL1, 1d)

```
STVTENDIRVEESIYQCCDLAPEARKAIKSLTERLYIGGXLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTSCGN
TLTCYLKARAACRAAKLRDCTMLVCGDDLVVICESAGVEEDAANLRA
```

SEQ ID NO. 56 (BNL2, 1d)

```
STVTENDIRTEXSIYQCCDLAXEARKAIKSLTERLYVGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTSCGN
TLTCYLKARAACRAAKLQDCTMLVCGDDLVVICESAGVEEDAANLRV
```

SEQ ID NO. 58 (FR17, 1d)

```
STVTENDIRVEESIYQCCDLAPEARKAIKSLTERLYIGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTSCGN
TLTCYLKARAACRAAKLQDCTMLVCGDDLVVICESXGVEEDAANLRV
```

41/74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 60 (CAM1078, 1e)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVFPGGQIVGGVYLPRRGPRLGVRRAARTSERSQPRGRQPIP
 KERRPEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGXLLSPRGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCXFAD
 LMGYIP

SEQ ID NO. 62 (CAM1078, 1e)

STVTEADIRTEESIYQCCLHPEARVAIKSLTERLYVGGPLTNSKGNCGYRRCRASGVLTSCGN
 TLTCYIKALAACRAAKLQDCTMLVCGDDLVVICESVGTQEDAASLRA

SEQ ID NO. 64 (FR2, 1f)

STVTESDIRTEESIYQCCLLDPEARKAIRSLTERLYIGGPLTNSKGNCGYRRCRASGVLTSCGN
 TLTCYIKARAACRAAKLQDCSMLVCGDDLVVICEIEGXXEDPSXXXX

SEQ ID NO. 66 (FR16, 1g)

MSTNPKPQRKTKRNINRRPQDVFPGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTTERSQPRGRQPIP
 KARRSEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSPHGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFAD
 LMGYIPLVGAPLGGVARALAQGFRDL

SEQ ID NO. 68 (FR16, 1g)

XXVTESDIRVEXSIYQCCLLAPEARVAIKSLTERLYVGGPLTNSKGNCGYRRCRASGVLTSCGN
 TLTCYLKAAAACRAAKLRECTMLVCGDDLVVICESAGVQEDAASXXX

SEQ ID NO. 70 (BNL3, 2e)

STVTERDIXTEESIYQACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRHCRASGVLTSCGN
 TITCYIKALAACKAAGIVAPTMVCGDDLVVISESQGVEEDDRNLXX

SEQ ID NO. 72 (FR4, 2f)

STVTERDIRTEESIYLACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTSCGN
 TITCYVKALAACKAAGIVAPTMVCGDDLVVISESQGAEEDERNLRV

SEQ ID NO. 74 (BNL5, 2h)

STVAERDIRTEESIYLACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTSCGN
 TITCYVKALAACKAAGIVAPTMVCGDDLVIISESQGTEEDERNLRV

SEQ ID NO. 76 (FR13, 2k)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVFPGGQIVGGVYLLCRXPRXXXCATXKTEQSQPRGRQPIP
 KDRXTTGKSWGRPGYPWPLYGNEGGLGAGWLLSPRGSRPSWGPTDPRHRSRNLGKVIDTLTXGFXD
 LMGYIPVVGAPVXGVARALAHGVRVLEDGINETGNLPGCSFSISLALLSITXPVSAVEIKNTXN
 TYMVTNDCSNXSITWQLXXAVLHVPGCVPCEREGNSSRCWIPTVXVSRPGALTEGLRSHIDTI
 VASATFCASALYIGDVCGAIMIAAQVVIVSPEHHHFVQDCNCASIYPGHIITGPRMX

SEQ ID NO. 78 (FR13, 2k)

STVTERDIRVEESVYLSCLPEEARAAIHSLTERLYVGGPMQNSKGQSCGYRRCRASGVLTSCGN
 TLTCYLKAQAAACRAAGIVAPTMVCGDDLVVISESQGTERDENLRP

42 / 74

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 80 (FR18, 21)

STVTERDIRNEESIFLACSLPEEARTVIHSLTERLYIGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVFTTSMGN
TITCYVKAMAACRAAGIDAPTMVCGDDLVVISESQGTEEDERNLRV

SEQ ID NO. 82 (PAK64, 3g)

STVTEQDIRVEEEIYQCCDLEPEARRAIKSLTERLYVGGPMFNSKGLCGYRRCRASGVLPSTSFGN
TITCYIKARAARAAGLQDPSFLVCGDDLVVVAESCXVDEEDRAALR

SEQ ID NO. 84 (BNL8, 4k)

STVTEKDIRPEEEVYQCCDLEPEARAKVITALTERLYVGGPMHNSKGDLCGYRRCRASGVYTTSGN
TLTCYLKASAIRAAGLKDCTMLVCGDDLVVIAESDGVEEDNRALXA

SEQ ID NO. 86 (BNL12, 41)

STVTEKDIRVEEEIYQCCDLXPEARAKAISALTEXLYLGGPMYNSKGELCGYRRCRASGVYTTSGN
TVTCYLKATAATRAAGLKDCTMLVCGDDLVVIAESEGVEEDSQPLRA

SEQ ID NO. 88 (EG81, 4m)

STVTERDIRVEEEVYQCCDLEPEARAKAISALTERLYVGGPMFNSKGDLCGYRRCRASGVYTTSGN
TLTCYLKATAATRAAGLKDCTMLVCGDDLVVIAESDGVDEDRRALQA

SEQ ID NO. 90 (VN13, 7a)

STVTERDVQTEHDIYQCCCKLEPAARTAITSLTDRLYXGGPMXNSKGQACGYRRCRASGVLTTLAN
TLTCYLKAQAACRAAGLKDFDMLVCGDDLVVISESLGVSEDTSALRA

SEQ ID NO. 92 (VN4, 7c)

STVTERDIXTEHDIYQCCQLDPVARKAITSLTERLYCXGPMMNSRGQSCGYRRCRASGVLTSLGN
TLTCYLKAQAACRAAKLKNYDMIVCGDDLVVIAESGGVSEDVDALRA

SEQ ID NO. 94 (VN12, 7d)

SSVTERDIRTEHDIYQCCQLDPVARKAITSLTERLYCGGPMYNSRGQSCGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYLKAAQACRAXKLKNFDMIVCGDDLVVIAESGGVPEDAGALRV

SEQ ID NO. 96 (FR1, 9a)

STVTGRDIRTEXDIYLSCQLDPPEARAKAIKSLTERLYVGGPMYNSKGQLCGQRRCRASGVLPSTSFGN
TITCFLKATAACRAAGFTDYDMIVCGDDLVVTEESAGVNEDIANLRA

SEQ ID NO. 98 (NE98, 10a)

STVTEQDIRVELSIFQACDLKDEARRVITSLTERLYCGGPMFNSKGQHCGYRRCRASGVLPSTSFGN
TITCYIKAKAATKAAGIKNPSFLVCGDDLVVIAESAGIDEDKSALRA

SEQ ID NO. 100 (FR14, 11a)

STVTERDIRTEESIYLSCQLPEEARAKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAKAACKAAGIVDPVMLVCGDDLVVISESKGVEEDQRDLRV

Figure 3 - continued

43/74

SEQ ID NO. 102 (FR15, 11a)

STVTERDIRTEESIXXACQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAXAACKXAGIVDPVMLVCGDDLVVISESKGVVEDQRLXX

SEQ ID NO. 104 (FR19, 11a)

MSTNPKPQRQTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRVGRATRKTSERSQPRGRRQPIP
KVRRTTGR

SEQ ID NO. 106 (FR19, 11a)

STVTERDIRTEESXYLACQLPEEARAKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAACKAAGIVDPVMLVCGDDLVVISESKGVVEDORDLRX

卷之三

Figure 4. Core/E1 amino acid alignment

Isolate	Type	SEQ ID	1	50
HCV-1	1a		MSTNPKPQKKNKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLLGVVRATR	
HCV-J	1b			R-T-----
BNL1	1d	2		R-T-----
BNL2	1d	6	-----R-T-----XXXXXX-----	X-----
CAM1078	1e	10/60		R-T-----X-----
FR2	1f	12		R-T-----
FR16	1g	66		R-T-----I-----
HC-J6	2a			R-T-----
HC-J8	2b			R-T-----
CH610	2c			R-T-----
NE92	2d			R-T-----
BNL3	2e	14		R-T-----
FR4	2f	18		R-T-----
FR13	2k	76		R-T-----
EB1	3a		-----R-T-----I-----	P-----
NZL1	3a		-----R-T-----I-----	-----X-----X-----X-----X-----
HCV-TR	3b		-----L-----RQT-----L-----N-----	C-----
GB358	4c		-----R-T-----M-----	V-----
DK13	4d		-----R-T-----M-----	V-----
CAM600	4e		-----R-T-----M-----	V-----
GB809	4e		-----L-----R-----T-----M-----	V-----
HPCCOREEZA	4?		-----T-----	G-----
HPCCOREEZB	4?		-----T-----M-----	
HPCCOREE2C	4?		-----M-----	
GB724	4?	28	-----R-T-----M-----	
BNL7	4k		-----R-T-----M-----	
BE95	5a		-----R-T-----M-----	
HK2	6a		-----L-----R-----T-----	
VN13	7a	46	-----L-----R-----T-----	
VN4	7c	44	-----L-----R-----T-----I-----	
VN12	7d	48	-----L-----R-----T-----M-----	
FR1	9a	42	-----L-----R-----T-----M-----	
NE98	10a	50	-----L-----R-----T-----X-----	
FR19	11a	104	-----L-----R-----T-----Q-----V-----	V-----

Isolate	Type	SEQ ID	51	core-V												100
				KTSERSQPRRQPIKARRPEGRTWAQPGYPWPLYGNEGGWAGWLSP												
HCV-1		1a														
HCV-J		1b														
BNL1		1d	2													
BNL2		1d	6													
CAM1078		1e	10/60													
FR2		1f	12													
FR16		1g	66													
HCJ6		2a														
HCJ8		2b														
CH610		2c														
NE92		2d														
BNL3		2e	14													
FR4		2f	18													
FR13		2k	76													
EB1		3a														
NZL1		3a														
HCV-TR		3b														
GB358		4c														
DK13		4d														
CAM600		4e														
GB809		4e														
BNL7		4k	28													
HPCCOREEZA		4?														
HPCCOREZB		4?														
HPCCOREZC		4?														
GB724		4?														
BE95		5a														
HK2		6a														
VN13		7a	46													
VN4		7c	44													
VN12		7d	48													
FR1		9a	42													
NE98		10a	50													
FR19		11a	104													

Isolate	Type	SEQ ID	101	150
HCV1	1a		RGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGAAARA	
HCV-J	1b			
BNL1	1d	2	--N--	
BNL2	1d	6	--N--	
CAM1078	1e	10/60		
FR2	1f	12	N-----	
FR16	1g	66	H-----	
HC-J6	2a		--N--H--V-----	S-T
HC-J8	2b		--T-----H--R-----	V--V--
CH610	2c		--H-----H-----	V--V--
NE92	2d		--H-----H-----	V--V--
BNL3	2e	14/16	--N-----H-----	V--V--
FR4	2f	18	--N-----H-----	--XX--X--V--X--
FR13	2k	76	--H-----H-----	X--V--V--V--
HCV-TR	3b		--N-----F-----	X--VX--V--V--
GB116	4c		--N-----	V--V--
DK13	4d		--X--X--N--X-----	V--V--
CAM600	4e		--N-----	V--V--
GB809	4e		--N-----	V--V--
G22	4f		--	V--V--
GB549	4g		--	V--V--
GB438	4h		--	V--V--
BNL7	4k	28	--N-----	V--V--
BE95	5a		--N--N--K-----	G-I--V--V--
HK2	6a		--H--N-----	V--A--
VN13	7a	46	X--N--N--X-----	XX--IE--
VN4	7c	44	--N--N-----	V--X--V--X--
VN12	7d	48	--D-X-N--X-----	E--V--V--AE
FR1	9a	42	--N--N-----	XXL--VL--G--V-A-
NE98	10a	50	--N-----	

Isolate	Type	SEQ ID	151	V1	200
HCV1	1a		LAHGIVRVLEDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAYQVRNSTGL		
HCV-J	1b				
BNL1	1d	4		I-----E-----VS-I	
BNL2	1d	8		XT-HE---AS-V	
FR2	1f	12		F-----TT-HE---AS-V	
FR16	1g	66	-X-----XG-----XXX-X---XX---X		
HC-J6	2a				T-----E-HST-DG
HC-J8	2b				
CH610	2c				
S83	2c				
NE92	2d				
BNL3	2e	16		I-----V-GL--K-TSSS	
FR4	2f	18		V-----V-----VE---ISSS	
BNL4	2g	20		S-----IS-----VE-K-TSTS	
BNL5	2h	24		VE-KDTGDS	
BNL6	2i	26			
FR13	2k	76			
BR36	3a				
HCV-TR	3b				
Z4	4a				
GB809-4	4a				
Z1	4b				
GB116	4c				
GB215	4c				
GB358	4c				
DK13	4d				
CAM600	4e				
GB809-2	4e				
CAMG22	4f				
CAMG27	4f				
GB549	4g				
GB438	4h				
BNL7	4k	30		QHY--IS-I	
BNL8	4k	32		V-----R-----V	
BNL9	4k	34		-----I-----F-----I	
BNL10	4k	36		-----I-----I-----TNY--VS-I	

WO 96050 "SETSES"

WO 96/13590

PCT/EP95/04155

4 8 / 7 4

BNL11	4k	38	--I-----X-----	--TNY--VS-I
BNL12	41	40	--I-----I-----	--QHY--VS-I
BE95	5a		--I-----I-----	--VPY--AS-I
BE100	5a		--I-----I-----	--VPY--AS-I
HK2	6a		--AI-----I-----	--LTYG--S--
VN4	7c	44	--XXI--X-----X-----	--T-----AHYT-KS--
VN12	7d	48	-X-----AI-----I-----	--T-----LNYA-KS--
FR1	9a	42	--AI-----I-----	--T-----I--K-AS-I
NE98	10a	52	--I-F-----F-----	--LT-TAGLEY--AS--

Isolate	Type	SEQ ID	V1	V2	V3	V4
HCV-1	1a	201	YHMTNDCPNSSIVYEAAADAILHTPGCVPCVREGNASRCWVAMPTPTVATRD	250		
HCV-J	1b		-----S-----M-M-----S-F-----L-----L-A-N			
BNL1	1d	4	-----S-----I-MDGM-M-Y-----D-HL-----M-L-----L-VKX			
BNL2	1d	8	-----S-----I-MSGM---A-----N-S-----MXL-----L-VK-			
FR2	1f	12	-----S-G-----K-I-----X-----I-----I-----PL-----L-A-I			
HC-J6	2a		-----T-D---TWQLQA-V--V-----EKV---T-----IPVS-N--VQQ			
HC-J8	2b		-----S-N---TWQLT-V-L-----ENDNGTLH--I-QV--N--VKKH			
CH610	2c		-----S-----WOLEG-V-----EQI-----PVS-N--I-Q			
S83	2c		-----MP-----S-----WQLEG-V-----E-TA-V-----PVA-NL-ISQ			
NE92	2d		-----MA-----S-N-----WQLX-----V-----ENSSGRFH--IPIS-NI-VSK			
BNL3	2e	16	-----MA-----A-D---WQLR-V-----V-----E-S---RTF---T-VS-N--VSR			
FR4	2f	18	-----MA-----S-N---IWQM0G-V-----V-----ELQ---K-----IPV--N--VNO			
BNL4	2g	20	-----M-----S-----WQLK-----V-----E-HQ-Q-----IPV--N--VSQ			
BNL5	2h	24	-----M-----S-----WQLEF-V-----V-----EWKD-T-----IPV--N--VSQ			
BNL6	2i	26	-----M-----S-X--TWQLXX-V-----V-----E-----S-----IPV--X-XVSR			
FR13	2k	76	-----VL-----S-----D-V-----I-----QD-----T-T-----TPV-----VKY			
BR36	3a		-----VL-----S-G-----E-V-----L-----TT-----Q-S---TTVST---V-T			
HCVTR	3b		-----I-----DHH-----L-----MT-----T-----TPV-----VAH			
Z4	4a		-----I-----V-----TDHH-----L-----A-----V-----TPV-----AVS			
GB809-4	4a		-----I-----T-----TEHH-----M-L-----TE-----T-----PL-----APY			
Z1	4b		-----I-----DYH-----L-----V-----Q-----L-----APY			
GB116	4c		-----DHH-----L-----V-----Q-----L-----APY			
GB215	4c		-----I-----TEHH-----L-----V-----Q-----L-----APY			
GB358	4c		-----I-----TDYH-----L-----K-T-----SL-----AQH			
DK13	4d		-----I-----A-----TENH-----L-----T-----Q-----L-----APY			
CAM600	4e		-----I-----A-----TDNH-----L-----KT-----Q-----L-----SPY			
GB809-2	4e		-----L-----F-----VHH-----L-----T-----Q-----L-----APY			
CAMG22	4f		-----I-----F-----EHH-----L-----T-----Q-----I-L-----L-APH			
CAMG27	4f		-----DHH-----M-L-----T-----T-----PL-----APY			
GB549	4g		-----DHH-----M-L-----T-----V-----IPL-----VPY			
GB438	4h		-----Y-----DHH-----L-----Q-----L-----APY			
BNL7	4k	30	-----DHH-----L-----T-----Q-----L-----APY			
BNL8	4k	32	-----DHH-----L-----T-----Q-----L-----APY			
BNL9	4k	34	-----I-----DHH-----L-----V-----Q-----L-----I-APY			
BNL10	4k	36	-----DHH-----AL-----V-----Q-----L-----APY			
BNL11	4k	38	-----F-----DHH-----L-----K-----H-----L-----APY			

BNL12	41	40	--SDHH---L---KT---T---L---API
GB724	4x	--I---V---TDHH---L---T---V---TPV---AVS	
BE95	5a	--DNL---A---MT---V---QI---LSAPS	
BE100	5a	--D-L---A---KD-V---QI---LSAPS	
HK2	6a	--L---DAM---L---L---VDDR-T---H-V---L-IPN	
VN4	7c	--L---ETL---L---KXX-Q---QAS---L-VPN	
VN12	7d	--L---NGM---L---KT---LTK---LSAS---L-VQN	
FR1	42	--L---S-N---F---ETM---L---IKA---E---LPVS---L-VPN	
NE98	10a	-M---S-G---G-I---L---S---T---IPVSX---VKS	

Isolate	Type	SEQ ID	V4	V5	300
HCV-1	1a	251	GKLFRATQRRHIDLLVGSATILCSALIVGDLCGSVFLVQLFTESPRRHWT		
HCV-J	1b		SSI-T-TI---V---A-A---M-----S-----YE-		
BNL1	1d	4	ASV-TXAI---V---XX-F---M---X-----A-----M-H-		
BNL2	1d	8	ANV-TAAI---V---T-AFR-M-----LYH-----		
FR2	1f	12	ANA-IDEV---V---A-VF---M-I---G-----TS-----		
HC-J6	2a		PGALTQG---T---MV-M-----G-M-AA-M-IV---OH---F		
HC-J8	2b		RGALTRS---T-V-MI-MA---A-----V-A-MILS-A-MV---Q---NF		
CH610	2c		PGTILTKG---A-V-VI-M-----V-ALMIAA-AVIA---Q---TF		
S83	2c		PGALITKG---A---II-M---V-----V-ALM-AA-VVVV---OH-TF		
NE92	2d		PGALITKG---T---TIA---F-----I-A-M-AS-V-II---QH-KF		
BNL3	2e		PGALITKG---AR---AV-M-----V-A-MIAA-A-IVA-K---YF		
FR4	2f	18	PGALITRG---A---TI-M---I-----A-MIAA-VAVV---QY-TF		
BNL4	2g	20	PGALITRG---T---TI-MV-----I-V-A-MIAA-VVIV---QH-NF		
BNL5	2h	24	PGALITRG---T---TI-A---V-----F-A-M---S-F-MI---QH-IF		
BNL6	2i	26	PGAXITKG---T---II-A---F-----		
FR13	2k	76	PGALTEG---S---TI-A---F-----I-V-A-MIAA-VVIV---EH-HF		
BR36	3a		VGATTASI-S-V---A-M-----M-A-----A-----R-----Q		
HCVTR	3b		LGVTTASI-T-V-M---ARQ-----AF-A-----A-----R-----T		
Z4	4a		PGA-LESF---V-M-A-----GA-M-MI-R-----		
GB809-4	4a		MDA-LESF---V-M-A-V-----GA-M-M-Q-----		
Z1	4b		PNA-LESM---V-M-A-M-F-I---G-----D-R-----		
GB116	4c		VGA-LES---S-V-M-A-V-----I-G-----M-S-Q-----		
GB215	4c		IGA-VESF---V-MM-A-V-----I-G-----M-S-R-----		
GB358	4c		IGA-LES---S-V-M-A-A-----I-G-----M-S-Q-----		
DK13	4d		LNA-LES---V-M-G-----I-V-G-----Q-----Q		
CAM600	4e		AGA-LEP---V-M-A-M-----I-GL-----M-Q-----		
GB809-2	4e		VGA-LEP---V-M-A-V-----GL-----M-Q-----		
CAMG22	4f		LGA-LESM---V-M-T-----GI-A-M-R-L-----		
GB549	4g		VGA-LESM---V-M-A-----I-G-----M-N-R-L-----		
GB438	4h		LGA-L-SV-Q-V-M-A-----I-H-G-A-MVS-Q-----		
BNL7	4k	30	IGA-LES---S-V-M-A-V-----I-X-XGL-----M-S-R-----		
BNL8	4k	32	IGA-LES---S-V-M-A-V-----I-GL-----M-S-R-----		
BNL9	4k	34	IGA-LES---S-V-M-A-V-----I-GA-----M-S-R-----		
BNL10	4k	36	TAA-LES---S-V-M-A-V-----I-X-----GL-----M-SXQ-----		
BNL11	4k	38	IGA-LES---S-V-VM-A-V-----I-----GL-----M-S-R-----		

T06050 "SETTIGEN

BNL12	41	40	LSA-LMSV---V--M--A---S-----GA-----M-----Q-----
GB724	4x		VDA-LESF---V--M--A---V-----GA-----M-----Q-----
BE95	5a		LGAVTAP---AV-Y-A-G-A-----A--AL-----M-----YR-----Q-A-----
BE100	5a		FGAVTAP---AV-Y---G-A-----A--AL-----M-----YR-----Q-A-----
HK2	6a		AST---GF---V---A-A-VV---S---I-----L-----A-----Q-----
VN4	7c	44	AST-V-GF-K-V-IM---A-AF---M-----GL-----LR-----M-QV
VN12	7d	48	ASVSIRGV-E-V---A-AF---M-----GL-----R-----MYE1
FR1	9a	42	SSV-IHGF---V---A-AF---M-I-----II-----R-KY-QV
NE98	10a	52	PCATAS---T-V-MM-XA-----AL---X---G-SWRH---Q-----

T06050 "GETS GO

Isolate	Type	SEQ	ID	V5	301	TQGJNCISIYPGHITGHRMA	319
HCV-1		1a					
HCV-J		1b					
BNL1		1d	4				
BNL2		1d	8	--E----			
FR2		1f	12	V-D-----	S-----	XXX	
HC-J6		2a		V-D-----	T-----		
HC-J8		2b		--E-----	Q-----		
CH610		2c		V-E-----		X	
S83		2c		V-E-----	R-----		
NE92		2d		V-D-----			
BNL3		2e	16	V-E-----			
FR4		2f	18	V-E-----		X	
BNL4		2g	20	S-D-----			
BNL5		2h	24	V-D-----			
FR13		2k	76	V-D-----	P-----		
BR36		3a		V-T-----	L-----	LS-----	
HCVTR		3b		V-T-----	VS-----		
Z4		4a		--E-----	T-----		
GB809-4		4a		--D-----	T-----		
Z1		4b		--D-----	VS-----		
GB116		4c		--D-----	A-----	V-----	
GB215		4c		--D-----	A-----	G-----	
GB358		4c		--D-----	A-----	V-----	
DK13		4d		--D-----	T-----		
CAM600		4e		--D-----	T-----		
GB809		4e		--D-----	A-----		
CAMG22		4f		--E-----	T-----		
CAMG27		4f		--E-----			
GB549		4g		--D-----	D-----		
GB438		4h		--D-----	V-----		
BNL7		4k	30	--D-----			
BNL8		4k	32	A-D-----			
BNL9		4k	34	--D-----			
BNL10		4k	36	--D-----			
BNL11		4k	38	--E-----			
BNL12		41	40	V-D-----			

54 / 74

T06050 "SET5860

GB724	4x	--D-----T-----
BE95	5a	V-N-----S-----V-----
BE100	5a	V-D-----S-----V-----
HK2	6a	V-D-----T-----V-----
VN4	7c	V-E-----T-----
VN12	7d	A-D-----A-----
FR1	44	--D-----XNX-----V-----
NE98	48	V-D-----
	9a	
	10a	
	52	

5 5 / 7 4

Figure 5. NS5B nucleotide alignment

Isolate	Type	SEQ ID	7932	7981
HCV-1	1a		CTCCACAGTCACTGAGAGGACATCCGTACGGAGGCAATCTACCAAT	
HCV-J	1b		---A---G-----AT-----AT-----T-----AT-----T-----	
BE90	1b	53	N---A-----C-----A-----GT-----T-----T-----	
BNL1	1d	55	---G-----T-----AT-----GT-----AT-----A-----	
BNL2	1d	57	---G-----T-----A-----C-----RAT-----T-----	
FR17	1d	61	---G-----T-----A-----T-----GTC-----AT-----G-----	
CAM1078	1e	63	---A---G-----AGCT---T-----A-----A-----T-----C-----A-----	
FR2	1f	67	N---A-----T-----T-----A-----A-----T-----C-----A-----	
FR16	1g	69	NNNNNNNN-----T-----T-----GTC-----RT-----T-----	
HC-J6	2a	71	---A---C-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----	
HC-J8	2b	73	---A---C-----G-----G-----AA-----A-----A-----T-----GGG	
BNL3	2e	77	---G-----A-----A-----T-----AA-----N-----T-----T-----GG	
FR4	2f	79	---A---C-----A-----G-----T-----AA-----A-----T-----T-----GG	
BNL5	2h	81	---A-----G-----A-----A-----G-----C-----T-----A-----TGG	
FR13	2k	81	A-----A-----A-----A-----AGT-----A-----T-----CG-----T-----TG-----	
FR18	21	81	---A-----G-----G-----A-----G-----AT-----T-----C-----A-----T-----TGG	
T1	3a	81	---A-----T-----ACAG-----A-----GGT-----A-----AG-----A-----	
T9	3b	81	---T-----T-----ACAT-----A-----G-----AG-----A-----	
PAK64	3g	81	---T-----T-----ACAG-----T-----A-----GGTA-----A-----A-----A-----	

5 6 / 7 4

Isolate	Type	SEQ	ID	7932	7981
GB48	4c			-----T--A--C--A--AG-----A--GGTC-----AGG-----T--G-	
GB116	4c			-----T--A--C--A--AG-----A--GGTC-----AGG--A--T--G-	
GB215	4c			-----T--A--C--A--AA-----A--GGTC-----AGG--A--T--G-	
GB358	4c			-----T--A--C--A--AG-----A--GGTC-----AGG--G--T--G-	
GB809	4e			-----T--G-----A-----A--GGTC-----A--A--G-----T--G-	
GB549	4g			-----G--G--C--A--G--T-----A--G--C-----A--AG-----G-	
BNL8	4k	83		-----T--A--C--A--AG-----A--GC--C-----A--AG-----G-	
BNL12	4l	85		-----G--G-----A--AG-----A--GGTC-----A--AG-----T--G-	
EG81	4m	87		-----C--A--C--A--G-----A--GGTC-----AGG-----T--G-	
CHR18	5a			-----G--C--T--C--ACAT-----AATG-----T--A-----T--T-----T--	
VNL3	7a	89		-----A-----A--C-----TG-----AG-----C--T--AC-----G-	
VN4	7c	91		-----G-----C-----C-----RC-----C--C--AC-----	
VNL12	7d	93		-----T--C-----G-----C--T-----C-----T--AC--C--AC-----T--G-	
FR1	9a	95		-----A-----G--G--C-----A--C--A--ACNA--AC-----T-----TG-	
NE98	10a	97		-----T-----CAG-----A--GGTA--ACTTT-----T--GG	
FR14	11a	99		-----T--C-----A-----G-----A--A--AT--C-----T--TG-	
FR15	11a	101		-----T-----A-----A--G--A--A--AT--C-----YYTGG	
FR19	11a	105		-----T-----A-----G-----T--A--A-----AT--C--Y--T--TGG	

Isolate	Type	SEQ ID	7982	8031
HCV-1	1a		GTTGTGACCTCCACCCCCAAGCCCGTGGCCATCAAGTCCCTCACCGAG	
HCV-J	1b		-----T-G-C-----G-----A-GCA-----A-G-----G-----A-----	
BE90	1b		-----T-G-C-----G-G-----A-ACA-----A-----G-----A-----	
BNL1	1d	53	-----T-G-C-----G-G-----T-----AA-----A-----G-----A-----	
BNL2	1d	55	-----T-G-C-----Y-G-----AA-----A-----G-----A-----	
FR17	1d	57	-----T-G-C-----G-G-----AA-----A-----G-----A-----	
CAM1078	1e	61	-----T-G-C-----G-G-----AA-----A-----G-----A-----	
FR2	1f	63	-----GC-----G-----A-----T-----A-----TT-----G-----T-----A-----	
FR16	1g	67	-----C-----T-----A-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----A-----	
HC-J6	2a		-----G-----C-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----A-----	
HC-J8	2b		-----C-----TC-----T-----GCC-----GAG-----A-ACT-----AC-----C-----A-----G-----T-----	
BNL3	2e	69	-----C-----TCT-----T-----ACC-----GAG-----A-ACT-----AC-----C-----G-----T-----	
FR4	2f	71	-----CC-----CTC-----T-----ACC-----GAG-----G-----A-ACT-----AC-----C-----AT-----G-----T-----	
BNL5	2h	73	-----CC-----CTC-----T-----ACC-----GAG-----G-----GACT-----AC-----T-----AT-----A-----T-----	
FR13	2k	77	-----CC-----TCA-----TCC-----GAGG-----G-----A-CT-----AC-----T-----AT-----G-----T-----	
FR18	2l	79	-----CC-----CTCGT-----GCC-----GAGG-----G-----GACT-----T-----AC-----T-----G-----T-----	
T1	3a		-----C-----A-----T-----A-----GG-----G-----A-GAGA-----TG-----TCC-----G-----	
T9	3b		-----C-----T-----G-----AG-----G-----T-----GAA-----G-----GCG-----T-----A-----	
PAK64	3g	81	-----T-----G-----GG-----G-----TA-----ACG-----A-----A-----G-----G-----A-----	

Isolate	Type	SEQ ID	7982	8031
GB48	4c		-G-----G-----AA-----A-----T-----CCG-----A-----A-----	
GB116	4c		-G-----G-----G-----G-----AGA-----A-----T-----CCG-----A-----A-----	
GB215	4c		-G-----G-----G-----G-----AA-----TA-----T-----CCG-----A-----A-----	
GB358	4c		-G-----G-----G-----G-----AA-----A-----T-----CTG-----A-----A-----	
GB809	4e		-T-----G-----G-----G-----AA-----TA-----AGCCG-----G-----G-----	
GB549	4g	83	-C-----C-----G-----G-----AA-----TG-----ATCCG-----A-----G-----A-----	
BNL8	4k	85	-G-----G-----G-----G-----T-----AA-----TT-----T-----CCG-----A-----A-----	
BNL12	4l		-G-----R-----G-----G-----AAA-----A-----ATCCG-----A-----A-----	
EG81	4m	87	-T-----G-----G-----AG-----G-----AA-----A-----ATCCG-----G-----	
CHR18	5a		CA-TGT-----T-----GC-----G-----T-----G-----G-----T-----A-----ACG-----A-----C-A-----	
VN13	7a	89	-C-----A-----GT-----G-----G-----GC-----A-----GACA-----CA-----G-----T-----T-----C-----	
VN4	7c	91	-C-----CC-----A-----T-----GGTG-----A-----AA-----T-----T-----CA-----T-----G-----T-----	
VN12	7d	93	-C-----CC-----AT-----A-----T-----GGT-----A-----GAAA-----T-----CA-----T-----T-----T-----	
FR1	9a	95	CC-----CC-----G-----AG-----G-----GAAA-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----	
NE98	10a	97	CC-----A-----GGA-----G-----TA-----GAG-----TG-----A-----CT-----A-----G-----	
FR14	11a	99	C-----C-----AT-----GCC-----T-----A-----G-----G-----A-----	
FR15	11a	101	C-----C-----AT-----GCC-----GAA-----T-----A-----A-----G-----A-----	
FR19	11a	103	C-----C-----AT-----GCC-----GAA-----G-----A-----A-----G-----A-----	

Isolate	Type	SEQ ID	8032	8081
HCV-1	1a		AGGCTTATGTTGGGCCCTCTACCAATTCAAGGGGGAGAACTGGGG	
HCV-J	1b		C-----C-----T-----C-----G-----T-----G-----A-----C-----	
BE90	1b		C-----A-----C-----T-----C-----G-----T-----A-----C-----	
BNL1	1d	53	C-----G-----CA-----C-----Y-----A-----AA-----AC-----	
BNL2	1d	55	C-----G-----C-----C-----C-----A-----A-----C-----	
FR17	1d	57	C-----G-----A-----C-----T-----C-----A-----C-----	
CAM1078	1e	61	G-----C-----C-----G-----CT-----G-----AA-----C-----	
FR2	1f	63	A-----C-----T-----C-----G-----A-----C-----AA-----C-----	
FR16	1g	67	C-----A-----C-----C-----C-----C-----AA-----AC-----	
HC-J6	2a		A-----C-----G-----A-----G-----CA-----GTT-----CAGGC-----A-----CC-----C-----	
HC-J8	2b		A-----C-----A-----A-----G-----CA-----G-----A-----CAGGC-----A-----CC-----C-----	
BNL3	2e	69	A-----C-----C-----A-----A-----G-----CA-----G-----A-----CAGGC-----AA-----C-----ATC-----	
FR4	2f	71	A-----C-----G-----A-----G-----CA-----G-----TG-----CAGGC-----AA-----C-----ATC-----	
BNL5	2h	73	A-----C-----A-----A-----G-----CA-----G-----TG-----CAGGC-----AA-----C-----TC-----	
FR13	2k	77	G-----C-----G-----A-----T-----CA-----GCAG-----CAGGC-----A-----AC-----TC-----	
FR18	2l	79	A-----C-----CA-----A-----C-----G-----GA-----G-----TG-----CAGGC-----AA-----C-----ATC-----	
T1	3a		C-----CTGC-----A-----GTT-----CAGGC-----A-----CCC-----A-----T-----	
T9	3b		G-----CA-----C-----A-----T-----CA-----GTA-----CAGT-----A-----CTCC-----G-----	
PAK64	3g	81	C-----C-----A-----T-----CA-----GTT-----CAGGC-----A-----CTC-----A-----	

Isolate	Type	SEQ ID	8032	8081
CB48	4c		--A--C--C--G--C--T--CA--GCAT--CAGC-A--A--CCTG-----	
GB116	4c		--A--C--C--G--C--T--CA--GCAT--CAGC--A--CCTG-----	
GB215	4c		--A--C--G--C--T--CA--GCAT--CAGC--AA--A--CCTG-----	
GB358	4c		--A--C--G--C--T--CA--GCAT--CAGC-A--A--CCTG-----	
GB809	4e		--A--C--G--C--T--CA--GCAT--CAGC-A--A--CCTG--T--	
GB549	4g		--A--C--G--C--T--CA--GCAT--CAGC-A--A--CCTT-----	
BNL8	4k	83	--A--C--G--C--T--CA--GTA--C--C--A--CCTA-----	
BNL12	4l	85	--R--C--CT--G--C--CA--GCA--CAGC-A--A--CCTT--T--	
EG81	4m	87	--A--C--G--C--T--CA--GTT--CAGC-AA--A--CCTA-----	
CHR18	5a		C--C--G--CTG--A--CA--GTAT--CAGC-A--C--AC-A--T--	
VN13	7a	89	C--AT--G--CTNC--T--T--CA--GTNT--C--T-AA--TC--GCA--T--	
VN4	7c	91	C--CTGC--W--CA--G--TG--C--CC--T--TC--ATCA--T--	
VN12	7d	93	C--CTGC--C--CA--GTA--C--TC--A--TC--TCA--T--	
FR1	9a	95	--C--C--A--GTA--C--A--CC--ACT--T--	
NE98	10a	97	C--CTG--T--T--A--GTT--CAGC-A--AC--AC-----	
FR14	11a	99	--A--A--C--G--C--GA--GGAA--CAGC-A--CC--GCT-----	
FR15	11a	101	--A--A--C--G--C--GA--GGAA--CAGC-AA--CC--GC-----	
FR19	11a	105	--A--A--C--G--C--GA--GGAA--CAGC-A--CC--GC-----	

6 1 / 7 4

Isolate	Type	SEQ ID	8082	8131
HCV-1	1a		CTATCGAGGTGCCGGAGCGGTACTGACAACTAGCTGGTAACA	
HCV-J	1b		T-----C-----A-----T-----G-----G-----C-----C-----	
BE90	1b		-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----C-----	
BNL1	1d	53	---C---TC-----C-----G-----G-----C-----C-----T-----	
BNL2	1d	55	-----TC-----T-----G-----T-----C-----C-----C-----	
FR17	1d	57	-----TC-----T-----G-----C-----C-----C-----C-----	
CAM1078	1e	61	-----A-----T-----C-----G-----T-----C-----C-----T-----	
FR2	1f	63	-----C-----C-----A-----T-----C-----C-----C-----C-----	
FR16	1g	67	-----C-----T-----A-----C-----G-----T-----G-----T-----	
HC-J6	2a		G---CA---GC---T-----C-----G-----T-----C-----C-----	
HC-J8	2b		---CA---GC---T-----A-----T-----T-----C-----C-----ATG-----G-----	
BNL3	2e	69	A---CA---GCAT-----C-----A-----G-----C-----C-----C-----	
FR4	2f	71	A---CA---GC---T-----T-----A-----G-----C-----C-----TATG-----G-----	
BNL5	2h	73	T---CA---AC---T---C-----A-----G-----C-----C-----C-----ATG-----G-----	
FR13	2k	77	A---CA---GC---C-----C-----G-----C-----C-----C-----ATG-----G-----T-----	
FR18	2l	79	A---CA---GC---T-----T-----G-----GT-----C-----C-----ATG-----G-----T-----	
T1	3a		T-----C-----T-----A-----C-----T-----C-----C-----T-----	
T9	3b		-----C-----C-----T-----A-----C-----T-----C-----C-----T-----	
PAK64	3g	81	A-----C-----T-----T-----T-----C-----T-----C-----T-----AC-----T-----	

Isolate	Type	SEQ ID	8082	8131
GB48	4C		G-----A-----T-----A-----	CTAC-----C-----C-----TC-----G-----
GB116	4C		G-----A-----T-----A-----	CTAC-----C-----C-----TC-----G-----
GB215	4C		G-----A-----A-----A-----	CTAC-----C-----C-----TC-----G-----
GB358	4C		G-----A-----A-----A-----	CTAC-----C-----C-----TC-----G-----
GB809	4e		G-----T-----A-----A-----	CTAC-----C-----C-----TC-----G-----
GB549	4g		GC-----A-----G-----A-----	TAC-----C-----C-----TC-----G-----
BNL8	4k		G-----G-----A-----A-----	G-----CTAC-----C-----C-----TC-----G-----
BNL12	4l	83	G-----G-----A-----A-----	G-----CTAC-----C-----C-----TC-----G-----
EG81	4m	85	G-----G-----A-----A-----	G-----CTAC-----G-----C-----TC-----A-----
CHR18	5a	87	C-----C-----A-----A-----	A-----GTAC-----C-----C-----TC-----G-----
VN13	7a	89	T-----T-----A-----A-----	A-----CTAC-----C-----C-----TC-----A-----
VN4	7c	91	A-----C-----T-----A-----	CT-----C-----C-----T-----TATG-----C-----
VN12	7d	93	G-----C-----A-----C-----	C-----C-----T-----CTG-----CC-----T-----
FR1	9a	95	TC-----A-----C-----A-----	G-----C-----C-----G-----TG-----C-----T-----
NE98	10a	97	T-----C-----C-----C-----	G-----T-----T-----T-----TG-----C-----C-----
FR14	11a	99	A-----A-----GC-----T-----	A-----A-----A-----A-----TG-----G-----
FR15	11a	101	A-----A-----GC-----T-----	G-----T-----C-----C-----A-----TG-----G-----
FR19	11a	105	A-----CA-----GC-----T-----	A-----G-----T-----C-----C-----A-----TG-----G-----

Isolate	Type	SEQ ID	8132	8181
HCV-1	1a		CCCTCACTTGCTACATCAAGCCCCGGCAGCCTGTCCAGCGCAGGGCTC	
HCV-J	1b		A---T---T-G---ACT---G-----T---AA-----	
BE90	1b		T---A---C-A---TCT-----T---GAA-----	
BNL1	1d	53	G---A---T-G---A---A-A---G-----T---AA-----	
BNL2	1d	55	A---T-G---A---A-G-----T---AA-----	
FR17	1d	57	A---T---T-G---A---A-G-----T---GAA-----	
CAM1078	1e	61	C---T---TA-----A-----T---CAA-----	
FR2	1f	63	C---T---A-----A-----T---GAA-----	
FR16	1g	67	A---C-G---A---GCC---G-----T---AA-----	
HC-J6	2a		A---A---TG-G---A---TTA---G-----AAG---T---A-A-----	
HC-J8	2b		A-G---A---T---A-----TT---G---AG---T---A-----	
BNL3	2e	69	A---G-----TA---G---T---AA---A---AA---A-----	
FR4	2f	71	A---G---T---TG-G---A---TC---T---AA---T---G---CA-T-----	
BNL5	2h	73	A---A---TG-G---ATTA---T---CAA---T---CA-----	
FR13	2k	77	T---A---T-G---A-----G---CA-G---G---CA-T-----	
FR18	2l	79	A---G---TG-G---A---AT---T---CA---T---C---A-T-----	
T1	3a		AA---T-----ACA---G---TGGAAAG---C-----	
T9	3b		AA---C---T-----ACT---A-CA-G---T---G---T-----	
PAK64	3g	81	AA---C-----A-A---G---TGC-----T---G---C---T-----	

F06050 "GETTESEN

Isolate	Type	SEQ ID	8132	8181
GB48	4c		-A--G--G-----C-----A-----TCA--C--TATCAA--G--G-----G	
GB116	4c		-A--G--G-----TC-----A-----TCA--C--TATCAA--G--G-----G	
GB215	4c		-A--G--G-----TC-----A-----TCA--C--TATCAA--G--GT-----G	
GB358	4c		-A--G--G-----C-----A-----TCA--C--TATCAA--G--GT-----G	
GB809	4e		-AA--G--G-----C-----T-----TCA-----ATCAA--G--T--G--A	
GB549	4g		-TG--A--G--T--TC-----GTT--G--TAC--A--G-----T--G	
BNL8	4k		-A--G--G-----C-----A-----TCA--T--TAT--A--G-----G	
BNL12	4l		-AG--G--C-----TC--T-----ACC-----TACCA--G--T-----C--A	
EG81	4m		-A--G--C-----C-----AC-----C--TACCA--G--C--C--G	
CHR18	5a		-A--G--G-----T-----TTA--CT-----A-----AA-----AA-----	
VN13	7a	89	-T--G-----T--G--A--T--A-----G--A--CA-----T--C-----G	
VN4	7c	91	--A--A-----TT--G--A--A--AA-----G-----A--G--A--AA-----	
VN12	7d	93	--A--G--A-----C--G-----T--A-----G-----T-----A--G--A--RAA-----	
FR1	9a	95	--A--A-----T--C--G-----AAC--C--T-----A--C--CT--T	
NE98	10a	97	--AA--C--T-----A--AAA-----TACCAA--T-----C--AA--T	
FR14	11a	99	--A--G-----T-----A--TAAA--G--T-----CA--T	
FR15	11a	101	--A--G-----T-----AAR-----T-----AA-----Y--T--CA--T	
FR19	11a	105	--A--G-----T-----A--AA-----G--T-----CA--T	

Isolate	Type	SEQ	ID	8182	8231
HCV-1	1a			CAGGAACTGCACCATGCTCGTGTGGCGACCACTTAGTCGTTATCTGTGA	
HCV-J	1b			G-----A-----A-----C-----T-----	
BE90	1b			G-----G-----C-----G-----C-----T-----	
BNL1	1d	53		G-----G-----C-----G-----T-----C-----T-----	
BNL2	1d	55		G-----G-----C-----A-----C-----T-----	
FR17	1d	57		A-----A-----C-----A-----C-----T-----	
CAM1078	1e	61		C-----C-----C-----G-----G-----C-----	
FR2	1f	63		T-----T-----A-----C-----C-----T-----C-----	
FR16	1g	67		G-----A-----A-----C-----C-----C-----	
HC-J6	2a			ATT-CGCC---A-----G-----A-----C-----T-----G-----T-----C-----CA-----	
HC-J8	2b			GT-----CCTGTT-----T-----G-----A-----C-----G-----T-----C-----CA-----	
BNL3	2e	69		GT-----C-----CC-----G-----C-----T-----C-----T-----C-----CA-----	
FR4	2f	71		GT-----C-----CC-----G-----G-----C-----T-----C-----G-----T-----C-----CA-----	
BNL5	2h	73		GT-----CTCC-----G-----G-----T-----G-----T-----C-----G-----A-----CA-----	
FR13	2k	77		GT-----CACCC-----A-----G-----G-----T-----C-----G-----C-----CA-----	
FR18	2l	79		G-----C-----CC-----A-----T-----G-----A-----C-----G-----G-----C-----CA-----	
T1	3a			-G-----A-----CCGGA-----T-----T-----C-----C-----A-----T-----TC-----G-----AG-----GGC-----	
T9	3b			A-----A-----CCCAT-----TT-----C-----T-----C-----C-----A-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----	
PAK64	3g	81		-A-----A-----CCCAT-----AT-----C-----T-----C-----C-----A-----T-----T-----G-----G-----AG-----GGC-----	

66 / 74

Isolate	Type	SEQ ID	8182	8231
GB48	4c		AGA-----T-G-C-----T-----C-G-T-C-----GC-----	
GB116	4c		AGA-----T-G-C-----T-----C-G-----C-----TGC-----	
GB215	4c		AGA-----T-----G-C-A-----T-----C-G-----C-----TGCC-----	
GB358	4c		AGA-----T-----G-C-----T-----C-G-----C-----TGCC-----	
GB809	4e		A-----T-----G-----T-----C-G-----C-----GC-----	
GB549	4g		A-A-GT-----G-----G-----T-----A-----C-----C-----C-----	
BNL8	4k	83	AGA-----G-----T-----C-----T-----G-----C-----GC-----	
BNL12	4l	85	A-A-----G-----C-----C-----T-----G-----C-----GCC-----	
EG81	4m	87	A-----T-----A-----G-----T-----C-----G-----C-----GCA-----	
CHR18	5a		-----GC-C-----G-----T-----T-----TC-----T-----C-----	
VN13	7a	89	A-----TTGA-----T-----G-----C-----C-----A-----T-----G-----CC-----T-----C-----	
VN4	7c	91	A-AA-----ATGA-----T-----A-----C-----C-----A-----TC-----T-----CG-----	
VN12	7d	93	A-AA-----TTGA-----T-----G-----C-----C-----A-----TC-----GCG-----	
FR1	9a	95	ACA-----T-----ATGA-----T-----G-----C-----C-----A-----C-----T-----TGC-----	
NE98	10a	97	A-AA-----TCCAT-----AT-----C-----T-----C-----C-----A-----T-----G-----CG-----AAC-----	
FR14	11a	99	GTA-----CCGGTG-----C-----T-----C-----G-----TGC-----	
FR15	11a	101	GTT-----CCGGTG-----C-----C-----G-----C-----CA-----	
FR19	11a	105	GTT-----CCAGTG-----C-----C-----G-----C-----CA-----	

67/74

Isolate	Type	SEQ	ID	8232	8271
HCV-1	1a			AAGCGGGGGTCCAGGAGGACGGGGAGCCCTGAGAGCC	
HCV-J	1b			G---T---AAC---T---GC---AC---	
BE90	1b			-----AAC---A-----AC---T-----AC---	
BNL1	1d	53		G---T---A---G---A-----A-----AC---T-----AC---	
BNL2	1d	55		G---A---G-----A-----AC---T-----AC---	
FR17	1d	57		G---T---R---A---G-----T-----A-----AC---T-----AC---	
CAM1078	1e	61		G---T---TA---AC-----T-----A-----AC---T-----C-----C	
FR2	1f	63		G---T---A---N-----N-----TC---T-----T-----A-----	
FR16	1g	67		G---T-----T-----T-----T-----A-----	
HC-J6	2a			G---CA---AC---G-----A---CG---A-----	
HC-J8	2b			G---CAA---TAA---G-----A---CGA---A-----T	
BNL3	2e	69		G---TCA---A---G-----ACCG---A-----	
FR4	2f	71		G---TCA---CTG-----A---CGA---A-----T	
BNL5	2h	73		G---TCA---AAC---G-----T---A---CG---A-----T	
FR13	2k	77		G---TCA---ACTG---AG-----A---AAC---A-----C---T	
FR18	2l	79		G---TCA---AC---G-----A---CGA---AT-----T	
T1	3a			G---AT---C---G---T-----TAGA---AGC-----	
T9	3b			-----TGC---C---G-----AGA---AGCT---C-----	
PAK64	3g	81		G---TTGC---KC---TG---T-----G---ATAG---GCAGC	

6 8 / 7 4

Isolate	Type	SEQ ID	8232	8271
GB48	4c		G---AT---C---AG-----AACGACC---CG-----	
GB116	4c		-----AT---C---AG-----AACGAGC---CG-----	
GB215	4c		G---AT---C---AG-----AACGAGC---CG-----	
GB358	4c		G---AT---C---TG-----AACGAGC---CG-----T-	
GB809	4e		G---GT---C---TG-----AACGAGC---CG-----	
GB549	4g		G---GC---C---AG-----AACGANC---CG-----T	
BNL8	4k	83	G---AT---C---AG-----T---AAGAGC---CC-----	
BNL12	4l	85	G---A---C---AG-----TAACCGAGC---CCN-----	
EG81	4m	87	G---AT---C---GG-----TT-CCAACC---CC-----	
CHR18	5a		G---CA---ACG---C---GGCCGAGC---CCA-----T	
VN13	7a	89	G---TTT---TC-----A-TAGTGCA---C-----T	
VN4	7c	91	G---T-GA---A---TCT---T-TT-ACGC---C-----A	
VN12	7d	93	G---GA---A---CT---T---C-G-GC---C-----T-	
SFR1	9a	95	G---T---T---A---A-C-----TATC---T-A---C-----	
NE98	10a	97	G---T---A---A---G-T---AA-AGCGC---T-----T	
SFR14	11a	99	-----AA---GG-----CA-CG-GA---AC---T-----	
SFR15	11a	101	G---AA---AG-----CA-CGAGA---AC-----	
SFR19	11a	105	-----AA---GG-----CAACGAGA---AC---NT-----	

Figure 6. NSS5B amino acid alignment

Isolate	Type	SEQ ID	2645	2694
HCV-1	1a			
HCV-J	1b		-----N-----S-----A-E-Q-R-----	-----K-Q-----
2TY4	1c		-----N-----V-----H-D-A-N-----	-----K-----
BNL1	1d	54	-----N-----V-----A-E-K-----	-----I-X-----K-Q-----
BNL2	1d	56	-----N-----X-----AXE-K-----	-----K-Q-----
FR17	1d	58	-----N-----V-----A-E-K-----	-----I-----K-Q-----
CAM1078	1e	62	-----A-----S-----H-E-----	-----K-----
FR2	1f	64	-----S-----E-E-K-R-----	-----I-----K-Q-----
FR16	1g	68	XX-----V-XS-----A-E-----	-----K-Q-----
HC-J6	2a		-----R-----S-----RA-S-PEE-HT-H-----	-----MF-----K-QT-----
HC-J8	2b		-----R-----S-----A-S-PQE-TV-H-----	-----M-----K-QS-----
ARG8	2c		-----S-----S-PEE-T-H-----	-----M-----K-QS-----
NE92	2d		-----R-----S-----LA-S-PE-T-H-----	-----ML-----K-QT-----
BNL3	2e	70	-----R-----X-----S-----A-S-PE-T-H-----	-----MM-----K-QS-----
FR4	2f	72	-----R-----S-----LA-S-PE-T-H-----	-----MM-----K-QS-----
BNL5	2h	74	-----A-R-----S-----LA-S-PE-T-H-----	-----MM-----K-QS-----
FR13	2k	78	-----R-----V-----SV-LS-S-PEE-A-H-----	-----MQ-----K-QS-----
FR18	2l	80	-----R-----N-----S-FLA-S-PEE-TV-H-----	-----I-----MM-----K-QS-----
BR34	3a			-----C-----MF-----K-AQ-----
BR36	3a			-----C-----MF-----K-AQ-----
BR33	3a			-----C-----MF-----K-AQ-----
T9	3b		-----H-----E-----E-E-K-SA-----	-----I-----MY-----K-LQ-----
PAK64	3g	82	-----Q-----V-----E-E-R-----	-----MF-----K-LK-----

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

TUNISIAN SUBSTITUTE SHEET

70 / 74

GB48	4c	K---V---EV-----E-E---K---TA-----MH---K-DL---
GB116	4c	-----K---V---EV-----E-E---R---TA-----MH---DL---
GB215	4c	-----K---V---EV-----E-E---KV---TA-----MH---K-DL---
GB358	4c	-----K---V---EV-----E-E---K---TA-----MH---K-DL---
GB809	4e	-----R---KV---EV-----E-E---KV---AA-----MH---K-DL---
CAMG22	4f	-----R---V---EV-----E-ET---KV---SA-----MH---K-DL---
GB549	4g	-----R---E-----E-E---KV---SA-----MH---DL---
GB438	4h	-----R---V---E-----E-E---KV---SA-----MY---K-DL---
CAR4/120541	4i	P---R-X-V---EV----N-EXDX-KV-NA-----K---MY---K-DL---
CAR1/501 4j		-----X-R---GEV----E-E---KV---TA-----MH---K-DL---
EG13	4?	V---N-E-E---K---TA-----MF---K-DL---
BNL8	4k	-----K---P---EV-----E-E---KV---TA-----MH---K-DL---
BNL12	41	-----K---V-----X-E---K---SA-----X---L---MY---K---L---
EG81	4m	-----R---V---EV-----E-E---K---SA-----MF---K-DL---
BE95	5a	-----H---M---S---S---Q---E---A---R---Q---C---MY---K---QQ---
CHR18	5a	-----H---M---S---SLY---Q---E---R---Q---C---MY---K---QQ---
VN13	7a	-----R-VQ---HD---K-E---A---T---T---D---X---MX---K---QA---
VN4	7c	-----R---X---HD---Q---V---K---T---CX---MM---QS---
VN12	7d	-----S---R---HD---Q---V---K---T---C---MY---QS---
FR1	9a	-----GR---XD---LS---Q---E---K-----MY---K---QL---
NE98	10a	-----Q---V-LS-F-A---KDE---RV-T---C---MF---K---QH---
FR14	11a	-----R---S---LS---Q---PEE---K-----ME---K---QA---
FR15	11a	-----R---S-XXA-Q---PEE---K-----ME---K---QA---
FR19	106	-----R---SX-LA-Q---PEE---K-----ME---K---QA---

71 / 74

Isolate	Type	SEQ ID	2695	2744
HCV-1	1a		YRRCRASGVLTSCGNTLTCYIKARAACRAAGLQDCTMLVCGDDLVVICE	
HCV-J	1b			L-T-K-N-
2TY4	1c			L-R--
BNL1	1d	54		L-K-R--
BNL2	1d	56		L-K--
FR11	1d	58		L-K--
CAM1078	1e	62		L-K--
FR2	1f	64		L-K--
FR16	1g	68		L-A-K-RE-
HC-J6	2a		M-I-V-L-K-IIAP	S-
HC-J8	2b		F-M-M-L-K-IV-PV	S-
ARG8	2c		A-M-V-N-IVAP-	S-
NE92	2d		F-M-I-V-Q-K-IIAP	S-
BNL3	2e	70	--H--M-I-L-K-IVAP	S-
FR4	2f	72	M-I-V-L-K-IVAP	S-
BNL5	2h	74	M-I-V-L-K-IVAP	S-
FR13	2k	78	M-L-Q-IVAP	I-S-
FR18	2l	80	F-M-I-V-M-IVAP	S-
BR34	3a		P-F-I-T-A-RNPDF	S-
BR36	3a		P-F-I-T-AK-RSPDF	VA-
BR33	3a		P-F-I-T-AK-RNPDF	VA-
T9	3b		P-F-I-K-PSF	VA-
PAK64	3g	82	P-Y-I-A-PSF	VS-VA-

7.2 / 7.4

ପରିବହନ

GB48	4C	Y	F	-----	L	-----	R	-----	A
GB116	4C	Y	F	-----	L	S-----	R	-----	A
GB215	4C	Y	F	-----	L	S-----	R	-----	A
GB358	4C	Y	F	-----	L	S-----	R	-----	A
GB809	4e	Y	F	-----	L	S-----	R	-----	A
CAMG22	4f	Y	F	-----	L	S-----	I	-----	A
GB549	4g	Y	F	-----	F	L-----	T	TK-----	A
GB438	4h	Y	F	-----	V	F-----	T	-----	A
CAR4/12054i	CAR1/501	4i	Y	-----	V	-----	L	V-----	KG-S
EG13	4j	Q	F	-----	V	-----	L	-----	S-----
BNL8	4k	Y	F	-----	V	-----	L	T-----	A
BNL12	4l	Y	F	-----	V	-----	L	T-----	A
EG81	4m	Y	F	-----	V	-----	L	T-----	A
BE95	5a	F	M	-----	M	-----	L	S-----	A
CHR18	5a	F	M	-----	M	-----	R	R-----	A
VNL3	7a	90	-----	IL	A	-----	L	Q-----	A
VN4	7c	92	-----	L	-----	-----	K	-----	S-----
VNL2	7d	94	-----	F	-----	M-----	L	Q-----	A
FR1	9a	96	Q-----	P	-----	M-----	I	FL-----	A
NE98	10a	98	P-----	F	-----	I	K-----	TK-----	VT
FR14	11a	100	F-----	L	-----	M-----	K-----	IKNPSF-----	A
FR15	11a	102	F-----	L	-----	M-----	X-----	IV-PV-----	S-----
FR19	11a	106	F-----	L	-----	M-----	K-----	IV-PV-----	S-----

73 / 74

TENDEO SETTEGEO

Isolate	Type	SEQ	ID	2745	2757
HCV-1	1a			SAGVQEDAASLR	
HCV-J	1b			-----T-----A-----	
BE90	1b			-----T-----V	
BNL1	1d	54		-----E-----N-----	
BNL2	1d	56		-----E-----N-----V	
FR17	1d	58		-X---E---N---V	
CAM1078	1e	62		-V-T-----	
FR2	1f	64		IE-XX--PS	
FR16	1g	68		-----	
HC-J6	2a			-Q-TE--ERN-----	
HC-J8	2b			-Q-NE--ERN-----	
NE92	2d			-Q-TE--ERN-----	
BNL3	2e	70		-Q--E--DRN-----	
FR4	2f	72		-Q-AE--ERN--V	
BNL5	2h	74		-Q-TE--ERN--V	
FR13	2k	78		-Q-TER-ENN--P	
FR18	21	80		-Q-TE--ERN--V	
BR34	3a			-	
BR36	3a			-	
BR33	3a			-C--E--R-A-----	
T9	3b			-CX-D-EDRAALR	
PAK64	3g	82			

74 / 74

T 0 6 0 5 0 " 3 E T T 5 8 6 0

GB48	4c	-D--E--KRP--G-
GB116	4c	-D--E--KRA--G-
GB215	4c	-D--E--KRA--GV
GB358	4c	-D--E--KRA--G-
GB809	4e	-G--E--KRX--G-
CAMG22	4f	-D--E--RRA--G-
GB549	4g	-G--E--RA---
GB438	4h	-G--E--RA---
CAR4/12054i		-I-ID--KQA--T
CAR1/501	4j	--E--PXTX--P
BNL8	4k	-D--E--NRA--X-
BNL12	4l	-E--E--SQP---
EG81	4m	-D--D--RRA--Q-
BE95	5a	-Q--TH--E----
CHR18	5a	-Q--TH--K----
VN13	7a	-L--S--TSA---
VN4	7c	-G--S--VDA--
VN12	7d	-G--P--GA--V
FR1	9a	--N--I--N---
NE98	10a	--ID--KSA--
FR14	11a	-K--E--QRD--V
FR15	11a	-K--E--QRD--
FR19	11a	-K--E--QRD--